

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N
1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79,
C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17;
48/00

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

(43) Internationales
Veröffentlichungsdatum:

16. September 1999

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00721

(22) Internationales Anmeldedatum:

9. März 1999 (09.03.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 11 193.2

10. März 1998 (10.03.98)

DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-
GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG
MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE).
DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6,
D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT,
CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, NL, PT, SE).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences - mRNA, cDNA; genomic sequences - from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatatumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1). Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen
5 zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt
10 und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 gefunden werden, die
15 als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

20 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164,
25

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

30 oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer
40 humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3-53; 142, 144-164, die in Prostata Tumorgewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp auf.

5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen
10 zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 20 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

25 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

30 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

30	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
35	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
40	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
45	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Prostata-Tumor ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen

ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 36 gefunden, das 5x stärker in Prostata Tumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Glutamat-bindende Untereinheit des NMDA-Rezeptors.

Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N	
	Blase	0.0465	0.0204	2.2731	0.4399
5	Brust	0.0373	0.0283	1.3172	0.7592
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines- Gewebe	0.0292	0.0163	1.7861	0.5599
	Gastrointestinal	0.0039	0.0286	0.1357	7.3686
10	Gehirn	0.0195	0.0350	0.5564	1.7973
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen- Speiseröhre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0274	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3424
	Prostata	0.0071	0.0341	0.2097	4.7677
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Dünndarm	0.0062			
	Prostata- Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weiß-Blutkörper- chen	0.0131			

35 FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0748
5	Eierstock-Uterus	0.0388
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
10	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0256
15	Sinnesorgane	0.0077

20

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, das 4,5x stärker in Prostatatumorgewebe als in

entsprechendem Normalgewebe vorkommt.
Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Protein-Steuerung (Protein-Trafficking) im Endoplasmatischen Retikulum (ER).

Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N	
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines-	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
20	Gewebe				
	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-	0.0193	0.0000	undef	0.0000
30	Speiseröhre				
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Dünndarm	0.0093			
	Prostata-	0.0089			
40	Hyperplasie				
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weiß-	0.0026			
45	Blutkörperchen				

FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefäße	0.0000
	Lunge	0.0074
10	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

15

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
30	Sinnesorgane	0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 40 gefunden, das 8x stärker in Prostataumorgewebe als in

entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Regulation der Protein-Kinase.

Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
	Endokrines-	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
20	Gewebe				
	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-	0.0000	0.0230	0.0000	undef
30	Speiseröhre				
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
	Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0436			
	Prostata	0.0119			
40	-Hyperplasie				
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weiß-	0.0009			
	Blutkörperchen				

FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
10	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
30	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0153	0.3031	3.2995
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0192	0.2486	4.0228
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brüst-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0037
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0051		1.8185	0.5499
	Brust	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0039		0.0000		undef	0.0000
10	Gehirn	0.0076		0.0066		1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0011		0.0275		0.0385	25.9489
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0047		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038		0.0055		0.6857	1.4584
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0048		0.0106		0.4475	2.2349
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duennndarm	0.0156					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
40	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0160					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0155					

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0200		0.0240		0.8340	1.1991
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0146		0.0191		0.7655	1.3064
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0000		undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef
	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
40							
45							
50							
55							

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0419

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0175
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0027	0.0087	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0127	0.0208	0.6111	1.6363
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0112	0.0047	2.3702	0.4219
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0238	0.0068	3.4733	0.2879
20	Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0277	0.2581	3.8738
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines Gewebe	0.0490			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0011	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0011	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
35	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0078			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838	2.0669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0065		1.0193	0.9811
	Eierstock	0.0122		0.0052		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019		0.0048		0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0102		0.0033		3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0050		0.0065		0.7651	1.3069
	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0025		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153		0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0060		1.4275	0.7005
	Niere	0.0030		0.0137		0.2171	4.6066
20	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0128		0.0000	undef
	Uterus	0.0033		0.0142		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0235					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0563					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0082					
40	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0544					
	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0979					
50	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0097					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0161					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0025	0.0011	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0128	0.1864	5.3637
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
25	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000	undef
	Haut	0.0050	0.1693	0.0294	34.0525
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0128	0.1864	5.3637
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0051	0.0000	undef	
	Brust	0.0053	0.0153	0.0153	0.3495	2.8614	
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.0182	0.5008	1.9967	
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0191	0.0191	0.2870	3.4837	
	Gastrointestinal	0.0252	0.0238	0.0238	1.0585	0.9447	
10	Gehirn	0.0068	0.0153	0.0153	0.4423	2.2607	
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch	0.0099	0.0065	0.0065	1.5303	0.6535	
	Herz	0.0000	0.0412	0.0412	0.0000	undef	
15	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0025	0.0095	0.0095	0.2634	3.7971	
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	0.0060	1.7130	0.5838	
	Niere	0.0059	0.0068	0.0068	0.8683	1.1517	
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.0221	0.1714	5.8337	
	Penis	0.0060	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0262	0.0532	0.0532	0.4922	2.0317	
	Uterus	0.0033	0.0142	0.0142	0.2321	4.3088	
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
25	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154					
35	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0000					
40	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0137					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0110					
	Prostata	0.0321					
	Sinnesorgane	0.0000					

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0044	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0298	0.1598	6.2576
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0155			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0255	0.0932	10.7274
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0076	0.0022	3.4835	0.2871
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0042	0.0153	0.2765	3.6171
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075	0.0024	3.1603	0.3164
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0161	0.0044	3.6770	0.2720
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0075	0.0189	0.3950	2.5314
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointental	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0041			
	Lunge	0.0148			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0062	0.0056	1.0959	0.9125
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duennndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0142	0.1132	8.8363
	Gehirn	0.0023	0.0140	0.1658	6.0318
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0074	0.3947	2.5338
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0185	0.0928	10.7785
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4958	0.6685
	Prostata	0.0066	0.0143	0.4604	2.1719
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0103	0.0138	0.7497	1.3339
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0211			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0129			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0131			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0390	0.1151	0.3387	2.9527
	Brust	0.0132	0.0014	9.3932	0.1065
	Dickdarm	0.0498	0.0114	4.3731	0.2287
	Duenn darm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0072	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0278	0.0150	1.8568	0.5386
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0550	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0074	0.2319	4.3114
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0248	0.0552	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0349	0.0638	0.5463	1.8304
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0157	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0094	0.8297	1.2052
	Brust	0.0044	0.0042	1.0437	0.9581
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0165	0.0213	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0070	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0030	0.0275	0.1108	9.0287
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0047	0.0091	0.5168	1.9350
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0062	0.0028	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0106	0.1509	6.6272
	Gehirn	0.0046	0.0080	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0137	0.2954	3.3858
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0185	0.0928	10.7785
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Prostata	0.0057	0.0130	0.4341	2.3036
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0211			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0079	0.0141	0.5636	1.7743
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0231	0.6964	1.4359
	Gehirn	0.0156	0.0229	0.6812	1.4681
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0097	0.0055	1.7540	0.5701
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0246	0.0048	5.1067	0.1958
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0941	0.4775
	Prostata	0.0104	0.0221	0.4682	2.1360
	T_Lymphom	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0089	0.0092	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0042	0.0000	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	0.0028	0.0000	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0010	0.0000	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0019	0.0039	0.0039	0.0000	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
45	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Brust_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0244	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hoden_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hoden_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
65	Nerven	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000		
	Niere_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0045	0.0000	0.0000	0.0000		
	Prostata_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077	0.0000	0.0000	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0035	0.0014	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0029	0.0070	0.4145	2.4127
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0052	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0039	0.2412	4.1464
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0028	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0110	0.3693	2.7082
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0078	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0039	0.2412	4.1465
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0044	0.0098	0.4473	2.2357
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duennndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0017	0.0040	0.4352	2.2978
	Haut	0.0037	0.0789	0.0466	21.4787
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0237	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0038	0.0117	0.3216	3.1098
	T_Lymphom	0.0101	0.0224	0.4508	2.2182
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0607	0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0235	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0070	0.5010	1.9961
	Dickdarm	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0006	0.0040	0.1451	6.8935
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0123	0.0456	0.2687	3.7211
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0047	0.8297	1.2052
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0287	0.0142	2.0184	0.4955
	Duehndarm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0167	0.3555	2.8128
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0177	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0087	0.0140	0.6217	1.6085
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0139	0.0063	2.1973	0.4551
15	Herz	0.0020	0.0412	0.0492	20.3146
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0129	0.3007	3.3256
	Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata	0.0254	0.0469	0.5426	1.8428
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0075			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0141	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0028	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0037	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0123	0.0260	0.4703	2.1264
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0120			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0075			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0387			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0044	0.0056	0.7828	1.2775
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn	0.0017	0.0050	0.3482	2.8723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0275	0.2584	3.8695
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0097	0.0074	1.3155	0.7601
	Magen-Speiseröhre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0104	0.0904	11.0571
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefäesse	0.0178			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0038	0.0117	0.3216	3.1098
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 162

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0070	0.5532	1.8078
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0214	0.0030	7.1565	0.1397
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7509
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0143	0.4604	2.1719
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0201			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 163

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0070	0.0028	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0106	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0130	0.3571	2.8005
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0028	0.0065	0.4341	2.3036
	T_Lymphom	0.0025	0.0149	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 164

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0053	0.0126	0.4175	2.3954
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0119	0.9955	1.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0035	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0174	0.0040	4.3519	0.2298
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0059	2.0357	0.4912
	Lunge	0.0068	0.0148	0.4604	2.1719
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0052	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0126	0.0373	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht; so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest. Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken. Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
3	523-P-21				
20	446-E-12				
33	544-K-9	552-M-9	391-B15	228-G-2	
36	420-I-3	395-G-4	489-A14		
44	194-A-22	438-F-10	491-A-16		
50	423-P-13	327-G-1	221-M-24	197-M-19	
51	244-C-10	421-G-19			
53	342-M-13	347-N-18			
142	353-J-9	383-F-17	404-H-16	416-N-2	501-A-5

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
3	in Prostata Tumoren erhöht	Humanes Homolog zu der bovinen anorganischen Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	10q21.1-q22.1	SHGC-36251-D10S1428	246	1258	
4	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		2q35	SHGC-32022-D2S126	257	894	
6	in Prostata Tumoren erhöht	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus Yarrowia lipolytica	TBC			225	1017	
7	in Prostata- und Brusttumoren erhöht	MLN 62	MATH; TRAF	17p12-q11.2	D17S798	192	671	
10	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153-D1S2740	225	870	
12	in Prostata Tumoren erhöht	BCE-1		2q35	SHGC-32022-D2S126	215	1312	
13	in Prostata Tumoren erhöht	GATA-3		10p15.1	D10S1431-SHGC-32335	230	1008	
15	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854-SHGC-36605	193	706	
17	in nicht normierten oder subtrahierten Bibliotheken nur im Prostata- u. Gehirntumoren nachweisbar	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529-D2S374	246	450	
18	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		Xq25-28	DXS1062-DXS9754	233	418	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
19	nur in Prostata- und Brusttumoren	Homolog zu der Inositol Polyphosphat-4-Phosphatase Typ I beta		20q13.2	D20S197-SHGC-33731	282	549	
20	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt				249	999	
21	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		4q31.22-31.23	D4S397-D4S2965	301	311	
22	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		16p11.2	SHGC-2727-SHGC-35326	231	527	
23	nur in Prostatalumoren nachweisbar	Unbekannt		9q21.31-21.32	SHGC-35114-D9S1122	224	359	
24	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		2p11.1 - 2p12	D2S388-D2S2579	242	1482	
26	nur in Prostatalumoren nachweisbar	Unbekannt		2q11.2	D2S2311-D2S2886	229	316	
27	in Prostatalumor und Hyperplasie erhöht	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592-SHGC-35120	209	369	
29	nur im normalen Lungengewebe, in Prostata- und in Endokrinen-Tumoren nachweisbar	Unbekannt		6q23.1-23.3	D6S1835-D6S1569	260	591	
31	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688-SHGC-33649	241	1631	
33	in Prostatalumoren erhöht	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70			247	844	
34	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		17q11.2	SHGC-2348	386	1563	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
36	ca. 5 x stärker in Prostatalumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Homolog zu NMDA		8q24.3	AFMA128XH5	298	1557	
37	5 x stärker in Prostatalumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Unbekannt		18q21.1 - 18q21.33	D18S831 - D18S64	213	1381	
39	ca. 4,5 x stärker in Prostatalumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Humanes Homolog zu Sec61		3q22.1-3q23	SHGC-37132 - SHGC-30693	224	615	
40	8 x stärker in Prostatalumoren als im entsprechenden Normalgewebe	HUMANER INTESTINALER TREFOIL FACTOR HP1.B	trefoil	21q22.3		276	834	
44	in Prostata- und Hautumoren erhöht	Unbekannt		6q12-p12.1	SHGC-10670 - SHGC-31710	207	997	
45	in Prostatalumoren erhöht	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION_CHAN NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-9668 - SHGC-30929	212	548	
46	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120 - D9S1812	241	1448	
47	in Prostatalumoren erhöht	Homolog zu einem Protein kinase C substrate		16p13.3-q24.3	D16S521 - SHGC-2951	165	1163	
48	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI-9028	260	906	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
49	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		2p24.3	D2S1288	259	1222	
50	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt				277	649	
51	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt				272	1226	
52	in Prostatalumoren erhöht	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915	249	1036	
53	in Prostatalumoren erhöht	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal_L7A	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583	228	758	
142	in Prostatalumoren erhöht	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780	317	1663	
144	2.1719 x fach im Prostatalumoren gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		2q35	SHGC-32022-D2S126		2105	4
145	1.8304 x fach im Prostatalumoren gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus <i>Yarrowia lipolytica</i>	TBC				1125	6
146	1.935 x fach im Prostatalumoren gegenüber normalem Prostatagewebe exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153-D1S2740		1490	10

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
147	2.3036 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	BCE-1		2q35	SHGC-32022-D2S126		1692	12
148	2.1361 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854-SHGC-36605		866	15
149	2.0732 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529-D2S374		992	17
150	1.3821 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum	GAMMA_CARB OXYLASE				1640	20
151	4.1464 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Humanes Homolog des ZFP-29 aus der Maus	zf-C2H2	16p11.2	SHGC-2727-SHGC-35326		974	22

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
152	1.9294 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120		1059	27
153	2.7643 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649		2003	31
154	4.1465 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70				1130	33
155	1.9745 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Phosphatidylinositol-4-phosphatase 5-kinase typ 2 beta		17q11.2	SHGC-2348		5779	34
156	3.1098 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Lysophospholipase	ESTERASE	6q12-p12.1	SHGC-10670- SHGC-31710		2408	44

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
157	3.7211 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION_CHAN NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-9668- SHGC-30929		1548	45
158	1.8428 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120- D9S1812		2319	46
159	2.1264 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI- 9028		1467	48
160	11.0571 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		2p24.3	D2S1288		1348	49
161	3.1098 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt					1290	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
162	2.1719 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915		2912	52
163	2.3036 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Homologe zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal_L7Ae	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583		850	53
164	2.7643 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780		2223	142

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>Seq ID No.</u>	<u>Peptid-Sequenz</u> <u>(ORF's) Seq ID No.</u>						
3	57						
4	58						
6	59	60					
7	61						
10	64						
12	66	67					
13	68						
15	70	71					
17	73	74					
18	75						
19	76	77					
20	78	79					
21	80						
22	81						
23	82						
24	83						
26	85						
27	86						
29	87						
31	89	90					
33							
34	92						
36	94						
37	95						
39							
40	97						
44	101	102	103	104	105		
45	106	107	108				
46	109	110	111				
47	112	113	114				
48	115	116	117	118	119	120	121
49	122	123	124	125			
50	126	127	128	129			
51	130	131	132				
52	133	134	135	136	137		
53	138	139	140	141			
142	143						
144	165	166					
145	167						
146	168	169					
147	170	171					
148	172	173					
149	174	175					
150	176	177					
151	178						
152	179	180					
153	181	182					
154	183						

<u>DNA-Sequenz</u>	<u>Peptid-Sequenz</u>	
<u>Seq ID No.</u>	<u>(ORF's) Seq ID No.</u>	
155	184	
156	185	
157	186	187
158	188	189
159	190	191
160	192	193
161	194	195
162	196	197
163	198	
164	199	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

5

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

10

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1672

15

(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Prostatatumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 167

25

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:3:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1200 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```
10 GGGCTCTCTC CTTGTCAGTC GCGGCCGCGT GCGGGCTGGT GGCTCTGTGG CAGCGGCGGC 60
GGCAGGACTC CGGCACTATG AGCGGCTTCA GCACCGAGGA GCGCGCCGCG CCTTCTCCCT120
GGAGTACCGA GTCTTCCTCA AAAATGAGAA AGGACAATAT ATATCTCCAT TTCATGATAT180
TCCAATTTAT GCAGATAAGG ATGTGTTTCA CATGGTAGTT GAAGTACCAC GCTGGTCTAA240
TGCAAAAATG GAGATTGCTA CAAAGGACCC TTTAAACCCT ATTAAACAAG ATGTGAAAAA300
15 AGGAAAACCT CGCTATGTTG CGAATTTGTT CCCGTATAAA GGATATATCT GGAACATATGG360
TGCCATCCCT CAGACTTGGG AAGACCCAGG GCACAATGAT AAACATACTG GCTGTTGTGG420
TGACAATGAC CCAATTGATG TGTGTGAAAT TGGGAAGCAAG GTATGTGCAA GAGGTGAAAT480
AATTGGCGTG AAAGTTCTAG GCATATTGGC TATGATTGAC GAAGGGGAAA CCGACTGGAA540
AGTCATTGCC ATTAATGTGG ATGATCCTGA TGCAGCCAAT TATAATGATA TCAATGATGT600
20 CAAACGGCTG AAACCTGGCT ACTTAGAAGC TACTGTGGAC TGGTTTAGAA GGTATAAGGT660
TCCTGATGGA AAACCAGAAA ATGAGTTTGC GTTTAATGCA GAATTTAAAG ATAAGGACTT720
TGCCATTGAT ATTATTAAAA GCACTCATGA CCATTGGAAA GCATTAGTGA CTAAGAAAAC780
GAATGGAAAA GGAATCAGTT GCATGAATAC AACTTTGTCT GAGAGCCCCCT TCAAGTGTGA840
TCCTGATGCT GCCAGAGCCA TTGTGGATGC TTTACCACCA CCCTGTGAAT CTGCCTGCAC900
25 AGTACCAACA GACGTGGATA AGTGGTTECA TCACCAGAAA AACTAATGAG ATTTCTCTGG960
AATACAAGCT GATATTGCTA CATCGTGTTT ATCTGGATGT ATTAGAAGTA AAAGTAGTAG1020
CTTTTCAAAG CTTTAAATTT GTAGAACTCA TCTAACTAAA GTAAATTCTG CTGTGACTAA1080
TCCAATATAC TCAGAATGTT ATCCATCTAA AGCATTTTTT ATATCTCAAC TAAGATAACT1140
TTTAGCACAT GCTTAAATAT CAAAGGAGTT GCCATTTTGG AGGCACTTGT GAATAGGTGT1200
30
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 894 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5 CTTACGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCGC CGATGGCTCA CCCCCTGCC CACTGCGTGG 60
GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT CTAGAGGAGC TGAACCGCCG120
CTACCACCCG GCCTTGCGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG AATGGCTACC GACGCTTTGA180
TCCGGCCCCG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTTGCAGCTG GAGGCACTGA CCCCCAGGG240
AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT300
10 CTTGCCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCTC ACGTCTCACT GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC360
GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCTT GGAGGCCTTT GCCACTGCAG CACTGGAGCC420
TGGTGATGCT GCGGCAGCCC TGACCCTGCT GCTACTGTAT GAGCCGCGCC AGGCCAGCG480
CGTGGCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCCAT GTGGCAGAGC TGGAGCGGC540
TTTCCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA GCCGCACCT CACCACTACG600
15 CCTCATGGAT CTA CTCTCCA AGAAGCACCC CTTGGACACA CTGTTCTTGC TGGCCGGGCC660
AGACACGGTG CTCACGCCTG ACTTCCTGAA CCGCTGCCGC ATGCATGCCA TCTCCGGCTG720
GCAGGCCTTC TTTCCCATGC ATTTCCAAGC CTTCCACCCA GCTGTGGCCC CACCACAAGG780
GCCTGGGCCC CCAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT GATCGCCAGG CAGCCAGCGA840
GGCCTGCTTC TACAACCTCG ACAACGGCAG CCCGTGGGCG CCTGGCGGCA GCTC

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1017 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

50 CATAGTCAGC TCGTTGATGT GCTTGAGGAT CTCATTGGAG CCGAACCCGG ACAGCATGAG 60
GGTGTCCCTC TCCATGTCCA GGATGGCGCA GGCCACCAGC AGGTGCAGAT TGGGGCCAGG120
GAGCCCTGTC CACAGCACCT CCCACAGCCG AAGGACATCC GGGAAGGGGA ATTCCTCTT180
GAACCAGATG AGCAGCCACC GGAAACAGAA GCAGAGAGAG CCGGAGTCCT GGAATCCAG240
GAAGTCGCAG AGCAGGGGGT CCAGCACCT CCGGAGCAGC AGCAGTCGCC CGAGTTGCCG300
CTTCATGGTC TCCTGGCTCT CTTCAAAGCT CGAGCCGCTC GAGCCGAATT CGGCTCGAGA360
AACCAGCCTG CTCCTGGAGC TTCCCTGGAC TCAACTTCCT AAAGGCATGT GAGGAAGGGG420

5 TAGATTCCAC AATCTAATCC GGGGGCCATC AGAGTAGAGG GAGTAGAGAA TGGATGTTGG480
GTAGGCCATC AATAAGGTCC ATTCTGCGCA GTATCTCAAC TGCCGTTCAA CAATCGCAAG540
AGGAAGGTGG AGCAGGTTTC TTCATCTTAC AGTTGAGAAA ACAGAGACTC AGAAGGGCTT600
CTTAGTTCAT GTTTCCCTTA GCGCCTCAGT GATTTTTTCA TGGTGGCTTA GGCCAAAAGA660
AATATCTAAC CATTCAATTT ATAAATAATT AGGTCCCCAA CGAATTAAAT ATTATGTCCT720
ACCAACTTAT TAGCTGCTTG AAAAATATAA TACACATAAA TAAAAAATA TATTTTTTCAG780
TTCTATTTC A GTGTTAATGA GAAC TACTTA CTAAGGAGAT GTATGCACCT ATTGGGACAG840
TGTGCAAGTT CTTT CAGCTGG GATTGAGGGT GGGCAATGCT GCCCCTCAAT TTCTGCTTCC900
AGGTGGGTGG TTCCATATGG TACTTGAGTT TTTATCAGAG GGCCTGGGAA AACCCAGTC960
10 TCACAAAAAT ATTGAAATTA TCAGAAGGGT TATAGTGGCA ATCTTATGTT GAAAGGA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

CATAAGTATG GTTACAAGCT GCAGGTGTCT GCATTCTCTCA ATGGCAATGG CAGTGGTGAG 60
GGCACACACC TCTCACTGTA CATTCGTGTG CTGCCTGGTG CCTTTGACAA TCTCCTTGAG120
TGGCCCTTTG CCCGCCGTGT CACCTTCTCC CTGCTGGATC AGAGCGACCC TGGGCTGGCT180
40 AAACCACAGC ACGTCACTGA GACCTTCCAC CCCGACCCAA ACTGGAAGAA TTTCCAGAAG240
CCAGGCACGT GGCGGGGCTC CCTGGATGAG AGTTCTCTGG GCTTTGGTTA TCCCAAGTTC300
ATCTCCACC AGGACATTCG AAAGCGAAAC TATGTGCGGG ATGATGCAGT CTTTCATCCGT360
GCTGCTGTTG AACTGCCCCG GAAGATCCTC AGCTGAGTGC AGGTGGGGTT CGAGGGGAAA420
GGACGATGGG GCATGACCTC AGTCAGGCAC TGGCTGAACT TGGAGAGGGG GCCGGACCCC480
45 CGTCAGCTGC TTCTGCTGCC TAGGTTCTGT TACCCCATCC TCCCTCCCCC AGCCACCACC540
CTCAGGTGCC TCCAATTGGT GCTTCAGCCC TGGCCCCTGT GGGGAACAGG TCTTGGGGTC600
ATGAAGGGCT GGAAACAAGT GACCCAGGG CCTGTCTCCC TTCTTGGGTA GGGCAGACAT660
GCTTGGGTGC C

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```
CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCCCT CTTCCACCTC TTCCTCTTCA 60
AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCTG GAGCCAAGCC CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG120
ATCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTTCAGCC ACCATTTGCA CAAGACACCC180
AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG GAAGCACCCG CCCTTTGTGC240
CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT ACACCAGAGT TTGCATTGGA300
AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAGGG GCCAGTGGAC CTTTTGTAAG CTTTCCACTC360
AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAAC TACTCCTTCC ACTTTCCCCC420
TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT480
GTCCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTTCT TAATGAAGTT TTAATTTATT TTTGTTGAGA540
TTTTGCTAGA TGGCTTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT600
CGGCGTTTCG AGGCCCCACG GTCCCAGGGC TGGGCCGGGG CCCCCAGGG TGGCTGTGCT660
GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTGTGTGCT TCATCCTCGG GTTTGCACGC CCTTTTTTAG720
GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA GGGGAGGTGT TTAACCTTTCT780
AGTGATTGAT GATTGTCAGG TTTTGAAATA CCAAAGCTTT TTTGTTCTGT TTTTAAATAA840
ATATCTTTCA AACTTTAAAA AAAAAAAAAA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
TTAAAAGTTA TTTATGTTTA ATGCTTAAAA GTCTGAATTC ACAAACAATC TACCATTATA 60
GAAGTACTGG TGGTCAATAC AATGCATTAG AACTATGTAC AACGCACAGT TTAGTATCAA120
AATCTTTCTA CACTGTAGAG TTTTACGAAA CTGTTAATGA CATCAAACAC TAAGCACTTA180
AGACACCATT TTTTCTGCT ACCACATTAG GAACGTCAAT GGACAGTCCA TTTCAACTTG240
CCGCATCCAT CCATTTCTAG TATGAAATTA AGTAATTTTC TACTTATACA ATAAAGTATA300
TCTACACGGT TCTTTTGATT TTGATCCATC GCAGCAACGG CACTGTACAT CAGCCTCGAG360
CCGATTCGGC TCGAGCTTGC CTGTGCCCTA TGTCACTGAG GCCTCACGTC TCACTGTGCT420
GCTGCCTCTA GCTGCGGCTG AGCGTGACCT GGCCCCTGGC TTCTTGAGAG CCTTTGCCAC480
TGCAGCACTG GAGCCTGGTG ATGCTGCGGC AGCCCTGACC CTGCTGCTAC TGTATGAGCC540
GCGCCAGGCC CAGCGCGTGG CCCATGCAGA TGTCTTCGCA CCTGTCAAGG CCCATGTGGC600
AGAGCTGGAG CGGCGTTTCC CCGGTGCCCG GGTGCCATGG CTCAGTGTGC AGACAGCCGC660
ACCCTACCA CTACGCCTCA TGGATCTACT CTCCAAGAAG CACCCGCTGG ACACACTGTT720
CCTGCTGGCC GGGCCAGACA CGGTGCTCAC GCCTGACTTC CTGAACCGCT GCCGCATGCA780
TGCCATCTCC GGCTGGCAGG CCTTCTTTCC CATGCATTTT CAAGCCTTCC ACCCAGCTGT840
GGCCCCACCA CAAGGGCCTG GGCCCCCAGA GCTGGGCCGT GACACTGGCC GCTTTGATCG900
CCAGGCAGCC AGCGAGGCCT GCTTCTACAA CTCCGACTAC GTGGCAGCCC GTGGGCGCCT960
GGCGGCAGCC TCAGAACAAAG AAGAGGAGCT GCTGGAGAGC CTGGATGTGT ACGAGCTGTT1020
CCTCCACTTC TCCAGTCTGC ATGTGCTGCG GGCGGTGGAG CCGGCGCTGC TGCAGCGCTA1080
CCGGGCCCAG ACGTGCAGCG CGAGGCTCAG TGAGGACCTG TACCACCGCT GCCTCCAGAG1140
CGTGCTTGAG GGCTCGGCT CCCGAACCCA GCTGGCCATG CTACTCTTTG AACAGGAGCA1200
GGGCAACAGC ACCTGAGCCC ACCCTGTCCC CGTGGGCCGT GGCATGGGCA AAACCCACCC1260
CACTTCTCCC CCAAACACAG AGCCACCGCC AGCCTCGTGG GCAGGGTTGG C
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

10 CCGCCATCCA GCCTGTCCTT TGGACCACAC CACCCCTCCA GCATGGTCAC CGCCATGGGT 60
TAGAGCCCTG CTCGATGCTC ACAGGGCCCC CAGCGAGAGT CCCTGCAGTC CCTTTCGACT 120
TGCATTTTTG CAGGAGCAGT ATCATGAAGC CTAAACGCGA TGGATATATG TTTTGAAGG 180
CAGAAAGCAA AATTATGTTT GCCACTTTGC AAAGGAGCTC ACTGTGGTGT CTGTGTTCCA 240
ACCACTGAAT CTGGACCCCA TCTGTGAATA AGCCATTCTG ACTCATATCC CCTATTTAAC 300
15 AGGGTCTCTA GTGCTGTGAA AAAAAAAT GCTGAACATT GCATATAACT TATATTGTAA 360
GAAATACTGT ACAATGACTT TATTGCATCT GGGTAGCTGT AAGGCATGAA GGATGCCAAG 420
AAGTTTAAGG AATATGGGAG AAATAGTGTG GAAATTAAGA AGAACTAGG TCTGATATTC 480
AAATGGACAA ACTGCCAGTT TTGTTTCCTT TCACTGGCCA CAGTTGTTTG ATGCATTAAA 540
AGAAAGGCGA ATCATTGTGTT CAAAGCTGTT GGCCTCTGCA AAGGAAATAC CAGTTCTGGG 600
20 CAATCAGTGT TACCGTTCAC CAGTTGCCAT TGAGGGTTTC AGAGAGCCTT TTTCTAGGCC 660
TACATGCTTT GTGAACAAGT CCCTGTAATT GTTGTGTTGTA TGTATAATTC AAAGCACCAA 720
AATAAGAAAA GATGTAGATT TATTTCATCA TATTATACAG ACCGAACTGT TGTATAAATT 780
TATTTACTGC TAGTCTTAAG AACTGCTTTC TTTCGTTTGT TTGTTTCAAT ATTTTCCTTC 840
TCTCTCAATT TTTGGTTGAA TAAACTAGAT TACATTGAGT TGGCCTAAGG TGGTGTGCT 900
25 CGGAGGGTTT CTTGTTTCTT TTCCATTTTG TTTTGGGAT GATATTTATT AAATAGCTCC 960
TAAGAGTCCG GCGGCATCTG TCTTGTCCCT ATTCCTGCAG CCTGTGCT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 706 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

5 GTTGGGGGAA ACCCACGAGG GGACGCGGCC GAGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG 60
GGAGTGAGGA CTGCAAGAGG GAGGAAGGCG GGAACCTAGG AGGCCTGATT AAGATGGTCC120
ATCTACTGGT CTTGTCAGGT GCCTGGGGCA TGCAAATGTG GGTGACCTTC GTCTCAGGCT180
10 TCCTGCTTTT CCGAAGCCTT CCCCACATA CCTTCGGACT AGTGCAGAGC AAACCTTTCC240
CCTTCTACTT CCACATCTCC ATGGGCTGTG CCTTCATCAA CCTCTGCATC TTGGCTTCAC300
AGCATGCTTG GGCTCAGCTC ACATTCTGGG AGGCCAGCCA GCTTTACCTG CTGTTCCCTGA360
GCCTTACGCT GGCCACTGTC AACGCCCGCT GGCTGGAACC CCGCACCACA GCTGCCATGT420
GGGCCCTGCA AACCCTGGAG AAGGAGCGAG GCCTGGGTGG GGAGGTACCA GGCAGCCACC480
15 AGGGTCCCGA TCCCTACCGC CAGCTGCGAG AGAAGGACCC CAAGTACAGT GCTCTCCGCC540
AGAATTTCTT CCGCTACCAT GGGCTGTCTT CTCTTTGCAA TCTGGGCTGC GTCCTGAGCA600
ATGGGCTCTG TCTCGCTGGC CTTGCCCTGG AAATAAGGAG CCTCTAGCAT GGGCCCTGCA660
TGCTAATAAA TGCTTCTTCA GAAATGGCAA AAAAAAAAAA AAAAAT

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

45 TAATGTTTAA AATTCAATTA GGATTACCT TACTGCTGTA AAATCTGGTC TATTTTAGTT 60
TCCTCTGGGT AGTTAGTGTT GCTAATAAGA TGGACGTAAG TGTTTTTGAA CTGGTGAATT120
CTGATTGCTT TTAGCCCCCA GTTTTCCAAA TAGGGGTGAA TTCTGGGTAG AGATAGAACA180
ATCACCAAGT TACCTTGCTC CAAAAAAGAA ATTTACGTAT GGGATTGTTT TCAAAGCGGG240
AAGTTAGCTG TGTAATAAAC AACAAATTTA TATATTTAAT CTGGGCTTCT CCTTATCTTG300
AATGATATAA AAATCTACTT TCTAGATTAA TTTAGTTCCA TATAACTTTG TATTGCTTTG360
ACTGTACTGA TAATAAAGTT TGAAAGTGTT AAATTTAAAA AAGAAAAAAA GAGGCAAAAG420
GAAAGACAAG AAAGGGACCC GGGAGGGATC

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:418 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
cgaagattca aaagctccaa aaacctactg tagacatcga agaaccaata tatacaatgg 60
gccaacaatc cagtgtccgc aggctgaaga ggagcgtccc ctgtgaatcc aacgaggcca120
acgaggccaa tgaggccaac aagacgatgc cggagacccc aactggggac tcagaccgc180
aacctgctcc taaaaaaatg aaaacatctg agtcctcgac catactagtg gttcgctaca240
ggaggaacgt gaaaagaaca tctccagagg aactggtgaa tgaccacgcc cgagagaaca300
gaatcaaccc cgaccaaatg gaggaggagg aattcataga aatacgacta aagccttaaa360
agtagcaaga agctacatcc ctcaaacttc ggcaatgaaa ataaagtttg agaagctg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

5
10
15
gggcccgcacat gccacttttcc tgccccagag ttttaaacaga aagaagagtg tacaatccgt 60
ggccggagcc tgatacggat gagcatccag gggacacctg gaacctcccc aactccatca120
agaccctggg ggacaacatt cagagatatg tggaagatgg gaagaaccag ctgctcctgg180
ccttgctgaa gtgcacagac acggagctgc agctgcgcag agacgcgac ttctgccagg240
ccctgggtggc cgccgtgtgc accttctccg agcagctgct ggcggccctg ggctaccgct300
acaacaacaa tggcgagtag gaggagagca gccgcgacgc cagccgcaag tggctggagc360
agggtggcggc cacgggctgc ctgctgcact gccagtccct gctctcgca gcgacagtga420
aggagggacg ggccatgctg gaggtcatct gggtgacgct gtcagagctg gacaatttga480
ccttctccct ttaaggggagc tgggcccggga actattttgg gcaagcacca aatgtgtttt540
accgcatt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 999 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

45
50
CAAGATGACC TCTCCCGTCT ACGGCACCGA CATGATGGTG GGCATCGGGA CGTCGGATGT 60
GGACCTGGAC AAATACCGCC ACACGTTCTG CAGCCTGCTG GGCAGGGATG AGGACAGCTG120
GGGCTCTTCC TACACGGGCC TCCTCCACCA CAAGGGCGAC AAGACCAGCT TCTCGTCGCG180
GTTTCGGCCAG GGCTCCATCA TTGGCGTGCA CCTGGACACC TGGCACGGCA CACTCACCTT240
TTTCAAGAAC AGGAAGTGTA TAGGTGTGGC AGCCACCAAG CTGCAGAACA AGAGATTCTA300
CCCGATGGTG TGCTCCACGG CGGCCCGGAG CAGCATGAAG GTCACCCGCT CCTGTGCCAG360
CGCCACTTCC CTCCAGTACC TGTGCTGCCA CCGCCTGCGC CACTGCGGCC AGACTCGGGA420
GACACGCTGG AGGGTCTGCC GCTGCCGCCG GGCCTCAAGC AGGTGCTACA CAACAAGCTG480
GGCTGGGTCC TGAGCATGAG TTGCAGCCGC CGCAAGGTCC AGTGTCCGAT CCCCAGGCAG540

CGACCTCCGC CCACCCAGC AGTCGCGAGC CTCGGCCCTG CCAGAGGAAG CGCTGCCGCC600
GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAACTGCC TTCTTGGGCT GGGACAGCCC TTTCTCTGT660
CCCTTCTTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC ACACTCCAGG GCGGAGTTGG ATGAGGCCCG720
TCCGGAGGGA GCCATCTCTT GCTCCCGAGG CTGGGACAGT CCTTTCTGTG GGGGCTCTAG780
5 GGCCCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGGAA GCGGCTGCCC TGAGCCCCAG GTCTTGTGGG840
AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC CCGCGTTGCT GTTCCCACAG GGCCTCGGTT900
TTTCTAACT TGCTCTGCAT GCTGTCAGCG GCTGCCCCGC CGTCATAGAC TTAAAGGACT960
GCAATAAATG TAGAGTTGAT GTCTAACAAA CAAAAAAA

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gggactttct ctgaatgcag atttggtctg aatgttatca ccataggagg atttgtagaca 60
gggagtgcca tgatcaaatt tctgattttt gaatgttggt tgtaatagca ggtttgggat120
ggtttgaagg agtagtagac aaaaggctga aaaccctgtc ggagagcagt agtccaggag180
agatgaaact gagtgataga atggaaaaga aaggttttga gaggtgtggt ggggaaggga240
40 ggttggagaa ataactttct gattgccaaa catgtgttca gacattctgc tcatccttat300
ctatttaatt t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 527 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```
GAGACCTCTT GCAAGATGCT TCTCTGCCGC CATAGGCTGG AGGTTCCCCG GGAAATTTTC 60
CCTTCCTTCC TAGCTGAGGA AGATCCCTCA CTTCGCTCG CCGCGCCACC GGTCCCACCT120
CCCCGCCCCC CGCTGGGTCC TAGCGCCGGC CCCTGTTTGG CAGGGTCCGG GCTCCGTCGG180
TGCGAGGAGC CGACGCCGAC GCCACGGAGT CAGCACAAGT CTCATCAGAG AAACCCCGTT240
CACCAAGGCC ATGGAAGTGG AGGCTGCAGA GGCCCGGTCC CCAGCCCCCG GCTACAAGCG300
CTCGGGCCGC CGCTACAAGT GCCTGTCETG TACCAAGACA TTTCCAAACG CGCCAGGGC360
AGCGCGCCAC GCTGCCACAC ATGGGCCGGC AGACTGCTCT GAAGAGGTGG CCGAGGTGAA420
GCCAAAGCCA GAGACAGAAG CTAAGGCAGA GGAAGCCAGT GGGGAGAAGG TGTCACGGTC480
CGACGCCAAG CCTAGGCCCT TATCGGTGTC CGCTATGCCC CAAGGCC
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:359 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

5 GTTCCAGACA GAAGAAATAG CAAGTGCCGA GAAGCTGGCA TCAGAAAAAC AGAGGGGAGA 60
TTTGTGTGGC TGCAGCCGAG GGAGACCAGG AAGATCTGCA TGGTGGGAAG GACCTGATGA120
TACAGAGGTG AGAAATAAGA AAGGCTGCTG ACTTTACCAT CTGAGGCCAC ACATCTGCTG180
AAATGGAGAT AATTAACATC ACTAGAAACA GCAAGATGAC AATATAATGT CTAAGTAGTG240
ACATGTTTTT GCACATTTCC AGCCCTTTA AATATCCACA CACACAGGAA GCACAAAAGG300
AAGCACAGAG ATCCCTGGGA GAAATGCCCG GCCGCCATCT TGGGTCATCG ATGAGCCTC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

35 cggggcgctc cggggaggcc aggacagctg atggttggtc cagaaacatc tcaaggtagc 60
tggtccgccc ccacttcccc atctacctct tgtcctcccc ccaacaccac caccaccctg120
gctccccctc ctcatgaccg cctggatcct cctgcctgtc agcctgtcag cgttctccat180
cactggcata tggactgtgc agcccaaggc tgtgatgaac caccatgtat gccctgtgga240
40 gaactgggtc tacaacgagt cctgccccctc tgaccctgct gagcaagggg gtcccaagac300
ctgctgcacc ctggacgatg tccccctcat cagcaagtgt ggctcctatc cccagaaag360
ctgcctcttc agcctcattg gcaacatggg tgctttcatg gtggccctga tctgcctcct420
gcgctacggg cagctcctgg agcagagtgg gcactcctgg gttaacacca cggcactcat480
cacaggctgc accaacgctg cgggcctcct ggtggttggt aactttcagg tggatcatgc540
45 caggctctctg cactacgttg gagctggcgt ggccttcctt gcggggctgc tctttgtttg600
cctgcactgt gctctctcct accaaggggc caccgccccg ctggacctgg ctgtggccta660
tctgcgaagt gtgctggtg tcatcgctt tatcaccctg gtcctcagt gagtcttctt720
tgtccatgag agttctcagc tgcaacatgg ggcagccctg tgtgagtgg tgtgtgtcat780
cgatatcctc attttctatg gcaccttcag ctacgagttt ggggcagtct cctcagacac840
50 actggtggct gcactgcagc ctacccttgg ccgggcctgc aagtcctccg ggagcagcag900
cacctccacc cacctcaact gtgccccga gagcatcgct atgatctaag gtctggggag960
ggtggctggc ccggcctcca cagcacccca cccatatct tctttccatt tatttcgtac1020
caaaaacaat tttgagaaag tattctgttg ggatctgggc ttcctcactt ctggagaagt1080

ggccatccca tgccacacctg tgccatggag gaggggggcc tgccagctgc cacagctgca1140
tgacctgctt cccaccccca cgggtgctgtt ttgttttttaa aggtcacctg tcctcactca1200
cccagccagc ccttcagggtg ccttctactc ccagtgccaa agccagacca ctgggggtttc1260
ctgctgcagg aattgggggc tgggaacagc agaggggata gaagtctggt ggaggtggag1320
5 tgggcacgcc ttagcctacg gaaaaaccca tttctgggcc cactgagctg cactgggatt1380
cttcactctg cccctcactt cctttagggc aaataacaca gcagaaccac gtgggtattt1440
tagtactttt ttttatatta aaaaaaact aaattggcaa aa

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE:316 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

35 gaaatccaaa caactgccat tgatttatto atttatttca caaatattta ctgaacgcat 60
ccagcatgct ctgtgggggtg ctgtgctggg gctgggggtg ccaggatgag aaacagccgt120
gtggctgtgc tcttggttcc accagccaga cgagtgttgc ctttgcaagg agaaaggact180
cacaaggctt acacatttgc tgccctcagt tttgcccttt ctcaaataaa tctcacacat240
ccaatctcct tgtggcccat tagggagtat ataatgaaat taagtaaatg aggaattgcc300
40 taaaactaag ggagtt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:369 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```
cttcagccgc attcagcccc tacttacctg gggaccccgg ctggggcacg agagtaccag 60
gggggtaggg cccaaaggga tcaggggaag cctctggcct ggaggggatg gggcacgctt120
ccccaaaggc ggaccgggca ggagggaagc caggagctgg gtccctgccg ccaggagctg180
ggccctgcca ccaggcccg gctagggaca tggcagggcc tgggcatcct gacgctggac240
ttgggcgacc tgggaggcac agggaggga gagatgggcg ggcccgcgcc agcgcagtgc300
cggccacacc catgcaccga agtcctccc tgccacgccc caaggcgggt gccggagctt360
accgggggt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 591 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

5 ggcgcatccg agccatggcc cagcaggtgt ttatgctgga caccacagtgc tcaccaaaga 60
 caccaaaciaa ctttgaccac gctcagtcct gccagctcat tattgagctg cctcctgatg120
 aaaaaccaa tggacacacc aagaaaagcg tgtctttcag ggaaattgtg gtgagcctgc180
 tgtctcatca ggtgttactc cagaacttat atgacatctt gttagaagag tttgtcaaag240
 gccctctctc tggagaggaa aagacgatac aagtgccaga agccaagctg gctggcttcc300
 tcagatacat ctctatgcag aacttggcag tcatattcga cctgctgctg gactcttata360
 ggactgccag ggagtttgac accagccccg ggctgaagtg cctgctgaag aaagtgtctg420
 10 gcatcggggg cgccgccaac ctctaccgcc agtctgcgat gagctttaac atttatttcc480
 acgccttggt gtgtgctggt ctccaccaat aagaaaccat cacggccgag caagtgaaga540
 aggtccctttt tgaggacgac gagagaagca cggattcttc ccagcagtgt t
 15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1631 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

gccccagcag gtctccgagc agccactggg acccgtctca gcacatcctg gcctttgaaa 60
 gtctgatata ctgagaggag ggcaggtttt agggccgcag ttccagccag cgtccccagc120
 ctggcttccc tgccatggac tcagtagctc gtggggcttc ttaccacca ccagccccgc180
 45 tggggtgcgg cctggctgtg ggcaaaggag gacttgccctg gagatttgag agaagattcc240
 ttctaccagg gctgctgagg ggccaggcct gcatcagggg ctaggctctg gctggggccc300
 gaggctgaga ctaaggcttt cgaccctggt gcctccatgt ggatgctgcc tcagacaaag360
 gcagttagcc ttccctgcca aagtgcccat cccatgggct cggcctcact ggtcactgtt420
 agcccatgaa cacgtgtggg cctcggtcac gtggctttga gggcagtctg accaggctag480
 50 accacacgtg ccgtgacagg gggtgccatt cccctcgcag gctctaattg gccacatgt540
 agcctggcag tccaaagacc aagaatcaac ttgcaaattc gccattaaac tgctgtgcga600
 cttcaggcat atcactgcct tctctgggct tcagtgtcct tttcatacct agaagtctgc660
 ggtctgagggc tctttgggtt cagacacact gttctaggct tctgtagggg accttgtgat720


```

ctgccgtgcc cctcctccct gttctttttct gtccctccca cccacccctc agaagctgct780
tgctctgccc ccaggacagg agcttgacgg atgaagtga gccagccacc caggtgccat840
ttccagtctg acttccagaa atgtgcacca tgtcctagag cacagacca ttggctggag900
cctcctggga gggttcaaac catcagctct atgagaaatg ccagaaaagg ctttgccgac960
5 tccatccgtc tgtggaggct gcctgcctcc ggggtgggat ggggtggttc tcctccaatt1020
cagacccaag aggtagcccc cgaggcatg tacctggtgg gaagcagctc aggtaccctt1080
gggggttgca gggcccttac gcaggtattt ctctctctct cctctctggg gtgctgtgtt1140
gctgtgcgct gtgctgtgct atgctttttct ctgtgggcac atcaggatgc ccctcggaga1200
gcatgtgcac gtgtcccccac ctgagcgagc gtgtgtgtgt gctcctctgc gtcccagggt1260
10 tggacgtcta gggtttggtg tgctgtcttt ctgccctccc tgagcccaca gggtcagtca1320
atgtatcttc tacgtgcctc tccctctgcc ttctctcaca gtgccccgg ctccagagct1380
caggggtagg ggttctcctg aggggtgcagg ggatccttct catctcctgg accctccagg1440
gcactctggt ccctattccc cagctcctag gcagctgagc cgggtccctt aggggaggtg1500
accaggagct ttggtgcagg gagctcttgg tggggcaaag ggctggaccc ctgccagggt1560
15 tgtggacatg gttatatgcc cggggagagg ggggtgcagg gccccaggga tggcccccaal620
tcccacctct g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 844 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

tatttttttt tttactgata tattgtagtt taataaaaca tagtttatac agttcattga 60
45 aaaagtattt taatacaaac accacttata cacaaaacca aatgttgata ttcttgtttt120
taaaaattct tgatttctct aaaacactaa gatgctatct caatagagat tgcttcacat180
tttcagttt cttgatctgt gcatgtcaca tgtaaagatc catccctttt catagtaaga240
acagctaata tatcacgtaa tccattttct tttttatcta aatcctggag tacaacctgt300
gcaaacttgg tttcctcttt ggcagagttc ttcccatcag actcatagag ttcaaggcac360
50 actgaagata tgcttccagg ggcttgcaat gtgtgtgtgc ttcgagctgg caaaggagtc420
cctgatggaa acagcactgt gaatctactg gctcctgatt cngtccacac ccttaactaa480
aatatctctg gctgaacact ctatcataag agagtcttcc accaacaggt tttctttccc540
aataagaatt cctgcttcta tagctgcacc aatagggatc acttcatcag gagggataga600

```

attgagaagc tcaacagctg ggaaaagatc tttaatcagt tgctgtagct ttgggattcg660
 agaagaccct ccacaaagga caaccttggt gatcatct gctgtaaatc cattttgatc720
 taagagtctt ctgattgctt ctatacactt attaaaaagt ggagaacaaa gaagttcaaa780
 tcttgctctg gacacattgc aatcaaaaatc ttgaccttca tataatgagt caagaaaaca840
 gttg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1563 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

aatgtagaga aagtggäctc atccccaag cgttgctctgc cccactctt tcctccttgg 60
 gtcccgccat tcttttactg ggcagtcgag ggcattggag ggaagtgc tgccctcagc120
 ctcaäctccct ggggccatga agaaaagcta aacagtcctca tggcatctca gaataatgtt180
 ggggtctcca agaagaaagg tgtaagaata acgacatggc tgattaggcg aggccaggat240
 agggctaagg ccaggattcc tggctggcat ccagtcaccc cttctcccat ccttccccct300
 cttcttccac aagtccgcag ccgagacact gtagtctccc agccacagtg atgagtgcct360
 tggagactcc actgacctct agatgaaggc ccctggccct ggttcctgtt aattaacctc420
 tgggtctttg agtccccag cacaacttc ttctctgtac cctgcggctt ggggtcacag480
 ggcattgccc gaagccacag ctgaggggag cagactgaag cagtgtcca cctctccttc540
 tttagctcag ggggtgctgg tctgtggcag gcgccagag tggcccctgt ggctgttctc600
 agtggcagtc tcttaagttc ccaccacagg cagctcttta tcccctctcc ctacttgact660
 ctttctcttg cctgtgcttt tggcctcaaa caggcctgct ggtagcgtc agggcgtgag720
 gctacactcc tgccctgcct ttctgtctt catggtctgc cagggcatac cttggggagg780
 tggaccaaaag acccaggact ttttgagta gccagtccta cccccagtt gtctttttac840
 caattcaggg tgggagagaa aactgcagca cccagcatg tgagttactc aggtgttggg900
 ggctagaagg gacagtgcgt ttaacaaca ctcagagctc tggccttaaa cctgtggccc960
 cccaagtcta ggagcctcat ctcttctctg cagtcattgc ggcaggagg cctgaaaggg1020
 aaaacccatt cagacaactg ttccccaatc taccagccat ctgcaggggt cagtgaaccgt1080
 ggccctctcc ctctctaga atgtgccact tatgaagagt gcccatggg gaaaaggaga1140
 ctcagctgtc ccttggcagc ttgtgccagt atcccagggc agaagtttcc acaggagcct1200
 cttgcccttg cgcagagcca ctgtgagagg cgggtgggagc caacaccctt gggggagggg1260

gcagtactgc tcggcacatc ccagcatcag gtcagatcat tgaaattaa aaatgtgaat1320
taagttcata tccacctttt ggggaagcag gacaaaccac caccaccacca agtgtgtgac1380
ttctccatat cccactgcag tttccatttt ttaaattggga attttcaatc ccctgtgctt1440
gtctaacgtc tgcttttaaaa agtttgagac cctgttactg tttgaaaatg catgcatgtt1500
5 acgatgaatc tccaacctga ggaaaaaaat aaaactcaaa aagctttgtg taaaaaaaaa1560
aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1557 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

ctacggtcag ccagggtagc cccatggccc cagcccctac cccaagggg gctaccacaca 60
35 gggtccctac cccaagggg gctaccacaca gggcccctac ccacaagagg gctaccacaca120
gggcccctac cccaagggg gctaccacaca ggggccatat cccagagacc ccttcggccc180
ccaaccctca tggacagcca caggtcttcc caggacaaga ccctgactca cccagcatg240
gaaactacca ggaggagggt ccccatcct actatgacaa ccaggacttc cctgccacca300
actgggatga caagagcatc cgacaggcct tcatccgcaa ggtgttctta gtgctgacct360
40 tgcagctgtc ggtgaccctg tccacgggtg ctgtgttcac tttgtgtgag gaggtgaagg420
gctttgtccg ggagaatgtc tggacctact atgtctccta tgctgtcttc ttcattctctc480
tcatcgctct cagctgttgt ggggacttcc ggcgaagca cccctggaac cttgttgac540
tgcagtcggt cctgaccgcc agcctgtcgt acatgggtgg gatgatcgcc agcttctaca600
acaccgaggc agtcatcatg gccgtgggca teaccacage cgtctgcttc accgtcgtca660
45 tcttctccat gcagaccgcg tacgacttca cctcatgcat gggcgtgctc ctggtgagca720
tggtggtgct cttcatcttc gccattctct gcatcttcat ccggaaccgc atcctggaga780
tcgtgtacgc ctactgggc gctctgctct tcacctgctt cctcgagtg gacaccagc840
tgctgtctgg gaacaagcag ctgtccctga gccagaaga gtatgtgttt gctgcgctga900
acctgtacac agacatcatc aacatcttcc tgtacatcct caccatcatt ggccgcgcca960
50 aggagtagcc gagtccagc tcgtgtgtgc cgctcaggtg gcaaggctgg cctggaccct1020
gcccctggca cggcagtga gctgtacttc cctctctct tgtccccagg cacagcctag1080
ggaaaaggat gcctctctcc aaccctcctg tatgtacact gcagatactt ccatttggacl140
ccgctgtggc cacagcatgg cccctttagt cctcccggcc cgcgaaggg gcaccaaggc1200

cacgtttccg tggcacctcc tgtctactca ttgttgcatg agccctgtct gccagcccac1260
 cccagggact gggggcagca ccaggtcccg gggagagggg ttgagccaag aggtgaggggt1320
 gcacgtcttc cctcctgtcc cagctcccca gcctggcgta gagcaccctt cccctcccccl1380
 ccacccccct ggagtgtctg cctctgggga catgcggagt ggggggtctta tccctgtgtct1440
 5 gagccctgag ggcagagagg atggcatgtt tcaggggagg gggaagcctt cctctcaatt1500
 tgttgtcagt gaaattccaa taaatgggat ttgctctctg ccaaaaaaaaa aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1381 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

35 agtactctga cacctccacc ctctacttta ttagaattgg aaggcaaatt tttgtccaaa 60
 aacctacaga caagtacttt gagagaattt ccaatataat attagacata atgataattt120
 tttccatact cagaatgaaa aactggatat tacgtttttg ttttggggtt tttttgtaca180
 aatttagcta atagctacag gctgagagaa ttgtaacata gcatgacaaa ttttgtgttg240
 acttgaaagg aatcacacca ttattcctta gaagtaatta catgtgttct aacacatttg300
 agacaggggt ggactcccat ttctcatccg agaaattact taacccttcc tggcgctgta360
 40 cagtcactct ttattctatt tcctctttgc tgtttgtagt agagacattt tgaatgaaac420
 ttggcactgc ttgattcaaa actgtggaaa ccagatctgt ttagtctcct gtttgtatgc480
 gtttgcataa ggtagctaaa taaccagttt ttgttgtaaa tgcaccaatt ctgaaggcac540
 tttatgtact acatggaggt catatctggg tttgttttta tttttttatc atgaacatta600
 aatgtgatga tgatttcttt tccctgcaca catctttccg gtgcaatatc tatcaattgt660
 45 gaatctggct gctgggtgat aaaaacctgg atgtaaagct gagcctacag acctgtcctc720
 accaactgtt ttgtgatttc tactcaacta caaagattta tttaatgtac tcttaatcta780
 actgagtttt gttaccaatg acctgttgca tgcttcaata ccgtgtactg cctgagttgt840
 gcctcttggt tgctagatta aaagtggagc agagacttga cttgatcctc tgagctcaag900
 ctattgagct ggtagtggca gaggactgag ggtacctgca cagtttgatt cttttccacg960
 50 tgtaagtctc cattgcagaa ttgtcgtgct ttgagaaaac acctgaggca gtgtgggagt1020
 tgaacgaccc tgctgtcctt ttttaacctgt gttgtcctag accctgtcgg ggcagtcagg1080
 ggacactaga gatttgatct catgcgagtc atcaatagga caaaaaagtt gtgggttggg1140
 gaggtctggt tgttacataa aaaggacctt tcgggtgtaag aaattgccgt ttttaccctg1200

ccctggctgg catgtgagaa gccatggaag gttgtggttg taaatgagtt gtctaaagg1260
gtgcagagggc ctgaggtttc taaaagaagg tagatttcta cagagctgag tgttggttcc1320
tttttcttat tgggtgaaaa ttacctgga gtgatcagaa aacttagatg ctatgtaact1380
a

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 615 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

gttgctccag tgtttgaaat aagaagactc atgtttatct ctggagacct tgctggcagt 60
gctagccagg aaacagagtg accaaggac aagaaggac ttgcctaaag ccaccagca120
actcagcagc agaaccaaga tgggccccag gtcctccat atggcccagg gcttaccacc180
ctatcacacg tggccttgte tagaccagc cctgagcagg ggagaggctc ttgagacctg240
atgccctcct acccacatgg ttctcccact gccctgtctg ctctgtgtgt acagaggggc300
agggcctccc ccagcccacg cttaggaatg cttggcctct ggcaggcagg cagctgtacc360
caagctggtg ggcagggggc tggaaggcac caggcctcag gaggagcccc atagtcccgc420
ctgcagcctg taaccatcgg ctggggccctg caaggcccac actcacgcc tgtgggtgat480
ggtcacggtg ggtgggtggg ggctgacccc agcttccagg ggactgtcac tgtggacgcc540
aaaatggcat aactgagata aggtgaataa gtgacaaata aagccagttt ttacaaagg600
aaaaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```
ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct180
gtgcaaacia cgggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt240
cccggagccc acggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggtcctggc300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgttca agccctgca480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cgccggggg atgcgaggct540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg660
aataaaggtc ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg720
tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgc tgaaggata tttt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 997 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
5
10
15
20
25
tgcctctctg caatagacag ctactgtcaa tacatgctgt aatttgacat tctgggtcac 60
agatataagg tatttaaaat ctatttatgc tttatagaga aaccagacat taaaacttca 120
tgcactactt atttcgaatt actgtacctt atccaaattt acacctagct attaggatct 180
tcaaccagg taacaggaat aattctgtgg ttccattttt ctgtaaacaa ctgaaagaat 240
aattagatca tattctagta tgttctgaaa tatctttaag actgatctta aaaactaact 300
tctaagatga tttcatcttc tcatagtata gagtttactt tgtacacgtt tgaaaccaac 360
tactgtagaa gatgaggaat ctattgtaat tttttgcttt attttcatct gccagtggac 420
ttatttgaaa ttttcacttt agtcaaatta tttttgtat tagtttttga tgcagacata 480
aaaatagcaa tcatttttaa ttgtcaaaat ttccagatta ctggtaaaaa ttatttgaaa 540
acaaacttat gggtaataaa ggctagtcag aacctatac cataaagtgt agttaccata 600
cagattaata tgtagcaaaa atgtatgctt gatatttctc aactgtgtta attttcttgc 660
tgtattccag ctgaccaaaa caatattaag aatgcatctt tataaatggg tgctaattga 720
taatggaaat aatttagtaa tggactatac aggatgttaa taatgaagcc atatgtttat 780
gtctggattt aaaaatttta aacaatcatt tactatgtca tttttcttta ccttgaagaa 840
cataaactgt tatttcactt ctacaaatca gcaagatatt atttatggca agaaatattc 900
cattgaaata ttgtgctgta acatgggaaa gtgtaaatgt ttttcatggg ttctatcaat 960
gtgaaataaa atttaattct gaaaaaaaaa agaaaga
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```
caaacagctg gggccaaga tcgtcatcgt gagcaagatg atgaaggacg tgttcttctt 60
```

cctcttcttc ctcgcgtgtg gctggtagcc tatggcgtgg ccacggaggg gtccttgagg120
ccacgggaca gtgacttccc aagtatcctg cgccgcgtct tctaccgtcc ctacctgcag180
atcttcgggc agattcccca ggaggacatg gacgtggccc tcatggagca cagcaactgc240
tcgtcggagc ccggcttctg ggcacaccct cctggggccc aggcggggcac ctgctgtccc300
5 cagtatgcca actggetggg ggtgctgctc ctgctcatct tcctgctcgt ggccaacatc360
ctgctggtca acttgctcat tgccatgttc agttacacat tcggcaaagt acagggcaac420
agcgatctct actggaaggc gcaggttacc gcctcatccg ggaattccac tctcggccc480
cgctggcccc gccctttatc gtcactctcc acttgcgcc cctgctcagg caattgtgca540
ggcgagcc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

gtatttcgtg agaagttcaa caccaaaact ggaacatagt tctccttcaa gtgttggcga 60
cacgggcgct tcctgattct ggaatataac tttgtgtaaa ttaacagcca cctatagaag120
agtccatctg ctgtgaagga gagacagaga actctgggtt ccgtcgtcct gtccacgtgc180
40 tgtaccaagt gctggtgcca gcctgttaac tgttctcact gaaaagtctg gctaattgctc240
ttgtgtagtc acttctgatt ctgacaatca atcaatcaat ggcctagagc actgactgtt300
aacacaaacg tcactagcaa agtagcaaca gctttaagtc taaatacaaa gctgttctgt360
gtgagaattt tttaaaaggc tacttgata ataacccttg tcatttttaa tgtacaaaac420
gctattaagt ggcttagaat ttgaacattt gtggtcttta tttactttgc ttegtgtgtg480
45 ggcaaagcaa catcttccct aaatatatat taccaagaaa agcaagaagc agattagggt540
tttgacaaaa caaacaggcc aaaagggggc tgacctggag cagagcatgg tgagaggcaa600
ggcatgagag ggcaagtttg ttgtggacag atctgtgcct actttattac tggagtaaaa660
gaaaacaaag ttcattgatg tcgaaggata tatacagtgt tagaaattag gactgttttag720
aaaaacagga atacaatggg tgtttttatc atagtgtaca catttagctt gtggtaaatg780
50 actcacaaaa ctgattttta aatcaagtta atgtgaattt tgaaaattac tacttaatcc840
taattcacaa taacaatggc attaagggtt gacttgagtt ggttcttagt attatttatg900
gtaaataggc tcttaccact tgcaaataac tggccacatc attaagtact gacttcccag960
taaggctctc taaggggtaa gtaggaggat ccacaggatt tgagatgcta aggccccaga1020

gatcgtttga tccaaccctc ttatttttcag aggggaaaaat ggggcctaga agttacagag1080
 catctagctg gtgcgctggc acccctggcc tcacacagac tcccgagtag ctgggactac1140
 aggcacacag tcaactgaagc aggcctgtgt tgcaattcac gttgccacct ccaacttaaa1200
 cattcttcat atgtgatgtc cttagtcact aagggttaaac tttcccaccc agaaaaggca1260
 5 acttagataa aatcttagag tactttcata ctcttctaag tcctcttcca gcctcacttt1320
 gagtcctcct tgggggtgat aggaattttc tcttgctttc tcaataaagt ctctattcat1380
 ctcatgttta atttgtagcg atagaattgc tgagaaataa aatgttctgt tcaacttaaa1440
 aaaaaaaa

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 1163 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

ctcgggcaag tgcttcagcc tgggtggagag tcggaagaga tgcacgggtc ctggaagaga 60
 cctcacactg atccccaggg tccaagcatc tcttccgact ctcgggcaag tgcttcagcc120
 tgggtggagtc cacgtgagtg caggggtgggt gcgagggttg gctggggcgc agctgcggac180
 40 cccctcatg ccatctgtgt cccaggtac aagtatgagt tctgccgtt ccacaacgtg240
 acccagcacg agcagacctt ccgctggaac gcctacagtg ggatcctcgg catctggcac300
 gagtgggaga tcgccaacaa caccttcacg ggcattgtgga tgagggacgg tgacgcctgc360
 cgttcccga gccggcagag caagggtggag ctggcgtgtg gaaaaagcaa ccggctggcc420
 catgtgtccg agccgagcac ctgcgtctac gcgctgacgt tcgagacccc cctcgtctgc480
 45 cacccccacg ccttgctagt gtacccaacc ctgccagagg ccctgcagcg gcagtgggac540
 caggtagagc aggacctggc cgatgagctg atcaccccc aggccatga gaagtgtctg600
 aggacacttt ttgaggatgc tggctactta aagaccccag aagaaaatga acccaccag660
 ctggagggag gtccctgacag cttgggggtt gagacctgg aaaactgcag gaaggctcat720
 aaagaactct caaaggagat caaaaggctg aaagggttgc tcaccagca cggcatcccc780
 50 tacacgaggc ccacagaaac ttccaacttg gacacttg gccacgagac gccagagacc840
 aagtctccag agcagctgcg gggtagacca ggactgcgtg ggagtttgtg accttgtggt900
 gggagagcag aggtggacgc gccgagagc cctacagaga agctggctgg taggaccgc960
 aggaaccagc tgaccaggct tgtgctcaga gaagcagaca aaacaaagat tcaagggttt1020

aattaattcc catactgata aaaataactc catgaattcc tgtaaaccat tgcataaatg1080
 tctatagtgt aaaaaaattt aaacaagtgt taactttaaa cagttcgtct acaagtaaatt1140
 gattataaat actaaaaaaa aaa

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 906 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

35

cgaggaccgg ccttgcgagc ggcgacacta taaaatggcg cgtgctgcaa cccgcgcccg 60
 cttcggagag agaaatgctg ggggtgcagct tcaagcttag gaccaccac catgcctatc120
 caggtgctga agggcctgac catcactcat taagaacaga ggaggctgcc tgttactcct180
 ggtgttgcat cctccagac actctgctgt ttctgccta ggcgtggctg cagccatggc240
 taggaaagcg ctgccacca cccacctggg ccagagctgg ttctgctcct gctgcaggga300
 cactgagctg gctatctcgg cgcttcgggc aagaactgca acaggctctc ctgggtcctg360
 caggtgtaca gccgggcccc tgccttgctc ctcagctctc gagagctgct gctgccgggt420
 gacctgatcc aacctgataa ggtgccatct tcagctacca ctgcaaggcc ctgagggcaa480
 40 cagcagcacg gcactgcca cccggctgct gatggcctgg tgccagctgg gagtctctcc540
 ggcacttcga ggccactgag ccacccttcc agccccagcc caccatggac aggggtatcc600
 agcttctctc tcaacctcgt cctctgcccc tgagccagtg acgcccagg acatgcctgt660
 taaccaggct ctgtacaagc actagctggg aaagggcatg acagtgctgg aggccgtctt720
 ggagatccag gccatcactg gcagcaggct gctctccatg gtgccagggc ccgccaggcc780
 45 accaggctca tgctgggacc caaccagtg cacaaggact tggctgctga gccacacacc840
 caggagaagg tggataagtg ggctaccaag ggcttctctg aggctagggg aggagccacc900
 ccgctt

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1222 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
tattagatat ggcagaaaaa ccatttccac tatgcaaagt tcttttagac gtcagtgaaa 60
atcaactctc atacctcatg gtctctcttt aattgaccaa aaccttccat ttttctcta120
25 atacaaagcg atctgtgttc tgagcaacct ttccccgaac acacagcttc agtgcagcac180
gctgacctga gtatccacca tgtgccaggc acagtgtctg gcacacgagg caccaagggtc240
cgggccaact gcccgcagca agggccagct gaggtggtgg agggagcccc tgaggtcagg300
ggcgttttcg gttcagggtg gcagggtgcc agcactgggg tatggcgctg aggcttccat360
ggggtggggg aggccagctt cttctgaca ggatggggcg atacagtgc tggtgtgatt420
30 tgtgcacaac ccgtgttcca ggtgcacatc ctcccaagga gacaccaga cccttccagc480
acgggcccgc caagttgctg cggcggaggc agcatttcag ctgtgaggaa ggtcattgga540
ttcatgtgtt ttatctgtaa aaatggttgt cttaacttct taacctcata ttggttaagt600
attgataaaa attggttggg gtttcatgac atgtggactt cttttgaaat agcaagtcaa660
atgtagtgc caaattgtgg aagagatttc tgtcaaatag gaaatgtgta agttcgtcta720
35 aaagctgatg gttatgtaag ttgctcaggc actcagatga cagcagattc tgggttctgg780
gagtgttctg tgctctttac atgccctgga ggcctcatgg tctcagtgtc gaggcggcac840
acctgtagca cacctgcgta atgtgcggtc tgggccagtc acaaggaatt gtgtgtgcta900
agccaaaggg ggaagctgac tgtgatttac caaaaaaaat tctgtaattc aaacaaaaat960
gtctgcggaa tcaccagttt gatactctct gtaatcagaa cagtgggcag tgcctgggtg1020
40 aacgtgtcta gcagccactg tgcgggatcg ctgtaacagg agtggaatgt acatatttat1080
ttacttttct aactgtctca acagccaaat gcctttttta tgaccattgt attcagttca1140
ttaccaaaaga aatgtttgca ctttgtaatg atgcctttca gttcaaataa atgggtcaca1200
ttttcaaagt gaaaaaaaaa aa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 649 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

20 agatattatg gatggtgaag ggaatggtat agaattggag agattatctt actgaacacc 60
tgtagtccca gctttctctg gaagtgggtg tatttgagca ggatgtgcac aaggcaattg120
aaatgcccat aattagtttc tcagctttga atacactata aactcagtgg ctgaaggagg180
aaattttaga aggaagctac taaaagatct aatttgaaaa actacaaaag cattaactaa240
aaaagtttat tttccttttg tctgggcagt agtgaaaata actactcaca acattcacta300
tgtttgcgag ggattaacac aaataaaaaga tgccttttta cttaaaccacc aagacagaga360
25 acttgcccaa tactgagaag caacttccac tagagagga actgttaaat gttttcaacc420
cagttcatct ggtggatggt tttgcagggt actctgagaa ttttgcttat gaaaaatcat480
tatttttagt gtagttcaca ataattgtatt gaacatactt ctaatcaaag gtgctatgtc540
cttggtgatg gtactaaatg tgtcctgtgt acttttgcac aactgagaat cctgcagctt600
30 ggtttaatga gtgtgttcat gaaataaata atggaggaat tgtcaaaaa

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

5 cccaactcca cccagggatc ctgggtgtacg ggctgacctg ttatgctttt ctgcccttcg 60
 gccctttggg gagccacggc gggaggtgga gatccaccgg cgatatgtgg cccagtcggt 120
 ccagctcttt attctctact tcttcaacct ggcctgtgct tccacttacc tgcccaggga 180
 taccctcaaa ctgctccctc tgcctactgg tctctttgcc gtctcccggc tgatctactg 240
10 gctgaccttt gccgtgggcc gctccttcgg aggcttcggc tacggcctga cgtttctgcc 300
 actgctgtcg atgctgatgt ggaacctcta ctacatgttc gtggtggagc eggagcgcat 360
 gctcactgcc accgagagcc gcctggacta cccggaaccac gcccgtctcg cetccgacta 420
 caggccccgc ccctggggct gagcctctcc gccctcgccc tcggagtagg gggtagcggc 480
 ttgggtctga cacatctttg aaccttgtgg ccaggcctgg acttcgcccc caggcctagg 540
15 accgcggtgg gtggaaccct gctactgccc caacagggac tccaatcaat cggagtcttc 600
 cccttgccgg agctgccctt cacctttggg gcccagagaca gtcataaggg atggacttag 660
 ttttcttgca gggaaaaagg tggacagccg tgtttcttaa ggatgctgag ggcatggggc 720
 caggaccagg ggagaggcac agctccttcc tgagcagcct ctcaccactg ccacaaggct 780
 ccctaattgt ggtctctgct ccactccccg gcttcccgtg aggcaggagg cagagccaca 840
20 gccaaggccc tgaccacttc tgtgccagtt gtctaagcag agcgctcag ggacgctgga 900
 aatgccttaa ggatagaagg tgggcatcac atcaaattgg actgtggtgt ttggtgaaaa 960
 ccttcctgag gatctggatt caggaccctc catgactggc ctatttactg tttacagctg 1020
 gccagtgcag agctgctgct cttttacctt tttaggcccc tgtaacttcc cacctttaa 1080
 ctgccagaa ggcatgcctc tcccacagga agagggggagc agacagggaa atctgcctac 1140
25 caagaggggt gtgtgtgtct ttgtgccac acgtggtggc tggggagtgc ctggatggtg 1200
 cggtggttga tgttaacctä gtgtgt

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

5 aactgatatt ggggaagtttg gttgaggttc aagtgtgact ccttccagag ccacaggtag 60
gggagtgtga agttgagggg gaggaaagct ggaaggactc tgccttggga gattcccagc120
tctgctttcc agcgcttggg ggaatctggg ctggggaaag acggcaccgg gaaactctgc180
ttccccattg tttccatctg atcagctgtg gtgtgaggac ttctcagaca aaggcaaggc240
ctcgtgcccc tgcccagccc attcatggag ccctgggcct tcttggcttc catagatcct300
aagctcttga ctgtagttta gccagacttg ttttgctatc ttataagcag ttcagaatta360
10 gggaaatgctg gttttgaaga gcaaaggaca ggtagtctag agagggtcgt ctggcctgct420
tgctgggtct ttgtaaccca gcacttcctc ttgccctcct ggctttatgt ttatggggag480
aggactcaat agctccaccc cttctggcac cagatggggc ttggttagtt tgcaataagc540
accttgcaaga ggttaaagcc agcgggtccc tagtcttagg ccagcctgc ttgtgtgggc600
tctggcctgg cctggtggct ggcccagggg gcagcagtgc ttagagcttc tgcagggctt660
15 ctcttgttta cacagctgca tcagacaatg ccatttctcc ccaccacgga accttccatc720
taagatttct tccagggaat gccagcaatc aggcagcacc cagctgtggg ggcagtgggg780
tgggggagac ccacattgat gacttttttt ttttctttta atgaagaaac accaaagaaa840
gctgtggaaa ggacctgccc cacatgaaaa ggataagcca agatggctgt aaacacagag900
catttgagct gccactcttg gagcacattg atttttcaaa agccagctct gtcaggaaag960
20 gaggtgctgt tatgagcagc tcttccagtg ggcaaagagg acgcccataa tttcttccat1020
tgctagctca tctgtg

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA-library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

50 CGGCACGAGC TCCCATGGGA CCTAGGTTTC AGCGGCCGCT GCGATGACCA AAATAAAGGC 60
AGATCCCCGAC GGGCCCGAGG CTCAGGCGGA GCGTGTTCC GGGGAGCGCA CCTACCAGGA120
GCTGCTGGTC AACCAGAACC CCATCGCGCA GCCCTGGCTT CTCGCCGCCT CACGCGGAAG180
CTCTACAAAT GCATCAAGAA AGCGGTGAAG CAGAAGCAGA TTCGGCGCGG GGTGAAAGAG240

5 GTTCAGAAAT TTGTCAACAA AGGAGAAAAA GGGATCATGG TTTTGGCAGG AGACACACTG300
CCCATTGAGG TATACTGCCA TCTCCCAGTC ATGTGTGAGG ACCGAAATTT GCCCTATGTC360
TATATCCCCT CTAAGACGGA CCTGGGTGCA GCCGCAGGTC CAAGCGCCCC ACCTGTGTGA420
TAATGGTCAA GCCCCATGAG GAGTACCAGG AGGCTTACGA TGAGTGCCTG GAGGAGGTGC480
10 AGTCCCTGCC CCTACCCCTA TGAGGGGCTC CGGTAGCACC TGGGCACCTG CCGCTGGAAG540
CTATTGGGCT GGCAGCAGGA CGACTGGCTG TCCTCCTGCC CACCCACACT GACGGCATCT600
TCCCAGTTCC CCAAGGCACG CCTTCTTCCC AGGCAGCTCT AACAGCCCTT TCATGAAGGT660
AATGCTAGTC TTCTGTCCAT CAGTGCCATT TCCTGTAGAA CTAAAGGCTG TTCCAAGAAT720
GTGGGGTGGG GAAAGTAAAT GCTAAGACTA AAAAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

30 MVVEVPRWSN AKMEIATKDP LNPIKQDVKK GKLRYVANLF PYKGYIWNYP AIPQTWEDPG 60
HNDKHTGCCG DNDPIDVCEI GSKVCARGEI IGVKVLGILA MIDEGETDWK VIAINVDDPD120
AANYNDINDV KRLKPGYLEA TVDWFRYKVP PDGKPENEFA FNAEFKDKDF AIDIKSTHD180
35 HWKALVTKKT NGKGISCMNT TLSESPFKCD PDAARAIVDA LPPPCESACT VPTDVKWFH240
HQRN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

5 MEYTLDLQLE ALTPQGRRP LTRRVQLLRP LSRVEILPVP YVTEASRLT VLLPLAAAERD 60
LAPGFLEAFA TAALEPGDAA AALTLLLLYE PRQAQRVAHA DVFAPVKAH VAELERRFPGA120
RVPWLSVQTA APSPLRLMDL LSKKHPLDTL FLLAGPDTVL TPDFLNRCR MHAISGWQAFF180
PMHFQAFHFA VAPPQGP GPP ELGRDTGRFD RQAASEACFY NSDNGSPWA PGGS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

30 RNLLHLPLAI VERQLRYCAE WTLLMAYPTS ILYSLYSDGP RIRLWNLPLP HMPLGS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

VQGSSRSRLV SRAEFGSSGS SFEESEQETMK RQLGRLLLLR RVLDPLLCDF LDSQDSGSLC 60
FCFRWLLIWF KREFPPFDVL RLWEVLWTGL PGPNLHLLVA CAILDMERDT LMLSGFGSNE120
ILKHINELTM

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

HKYGYKLQVS AFLNGNGSGE GTHLSLYIRV LPGAFDNLE WPFARRVTFS LLDQSDPGLA 60
KPQHVTFETH PDPNWKNFQK PGTWRGSLDE SSLGFGYPKF ISHQDIRKRN YVRDDAVFIR120
AAVELPRKIL S

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

SPKVQNHRCF QAPKKGRANP RMTAQPAPSY RQQHSHPGGP RPSLGTVGPP NAETDITANT 60
HHLQGMQKPS SKISTKIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

VIFYLYNKVY LHGSFDFDPS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR120
VPWLSVQTAA PSPLRLMDLL SKKHPLDTLF LLAGPDTVLT PDFLNRCRMH AISGWQAFFP180
MHFQAFHPAV APPQGGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL240
LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCSARLS EDLYHRCLOS VLEGLGSRTQ300
LAMLLFEQEQ GNST

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

KQASLAAWRS KRPVSRPSSG GPGPCGGATA GWKAWKCMGK KACQPEMACM RQRFKSGVS 60
TVSGPASRNS VSSGCFLESR SMRRSGEGAA VCTLSHGTRA PGKRRSSSAT WALTGAKTSA120
WATRWAWRGS YSSSRVRAAA ASPGSSAAVA KASKKPGARS RSAAARGSST VRREASVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

PPSSLSFGPH HPSSMVTAMG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

LGETHEGTRP RRVAVHPGAW E

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

DGPSTGLVRC LGHANVGDLR LRLPAFPKPS PTYLRTSAEQ TLPLLLPHLH GLCLHQPLHL 60
GFTACLGSAH ILGGQPALPA VPEPYAGHCQ RPLAGTPHHS CHVGPNRGE GARPGWGGTRI20
QPPGSRSLPP AAREGPQVQC SPPEFLPLPW AVLSLQSGLR PEQWALS RWP CPGNKEPLAW180
20 ALHANKCFFR NGKKKKKN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

NLVYFSFLWV VSVANKMDVS VFELYNSDCF

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

15 NNHQVTLLQK RNLRMGLFSK REVSCVNNNN FIYLIWASPY LE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

35 KIQKLQKPTV DIEEPIYTMG QQSSVRLKR SVPCESEAN EANEANKTMP ETPTGSDPQ 60
PAPKKMKTSE SSTILVVRYR RNVKRTSPEE RVNDHAREN INPDQWRR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

GPACHFPAPF FKQKEECTIR GRSLIRMSIQ GTPGTSPTPS RPWTTTFRDM WKMGRITSCSW 60
PC

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO77:

30

SAQTRSCSCA ETRSSARPWW PPCAPSPSSC WRPWATATTT MASTRRAAAT PAASGWSRWR 60
PRASCCTASP CSRERQ

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

5 QDDLRLRHR HDGGHRDVGC GPGQIPPHVL QPAGQG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

30 GQLGPLLHGP PPPQGRQDQL LVAVRPGLHH WRAPGHLARH THLFQEQEVY RCGSHQAAEQ 60
ELILPDGVLH GGPEQHEGHP LLCQRHFPPV PVLPPPAPLR PDSGDTLEGL PLPPGLKQVL120
HNKLGWVLSM SCSRRKVQCP IPRQRPPPTP AVASLGPARG SAAAGPD

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

AECLNTCLAI RKLFLQPPFP NTPLKTFLFH SITQFHLW TTALRQGFQP FVYYSFKPSQ 60
TCYYKQHSKI RNLIMALPVT NPPMVITFRT NLHSEKV

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

25

LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60
EVEAAEARSF APGYKRSRR YKCLSCTKTF PNAPRAARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE120
TEAKAEASG EKVSRSDAKP RPLSVSAMPQ G

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

50

RLIDDPWRWP GISPRDLCAS FCASCVCGYL KGLEMCKNMS LLRHYIVILL FLVMLIISIS 60
ADVWPQMVKS AAFLISHLCI IRSFPPCRSS WSPSAAATQI SPLFF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

WLCQKHLKVA GPPPLPHLPL VLPPTPPPPW LPSLMTAWIL LPVSLSAFSI TGIWTVQPKA 60
VMNHHVCPVE NWSYNESCPE DPAEQGGPKT CCTLDDVPLI SKCGSYPPES CLFSLIGNMG120
AFMVALICLL RYQQLLEQSR HSWVNTTALI TGCTNAAGLL VGNFQVDHAR SLHYVGAGVA180
25 FPAGLLFVCL HCALSYQGAT APLDLAVAYL RSVLAVIAFI TLVLSGVFFV HESSQLQHGA240
ALCEWVCVID ILIFYGTFSY EFGAVSSDTL VAALQPTPGR ACKSSGSSST STHLNCAPE300
IAMI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

MCKPCESFLL AKATLVWLVK PRAQPHGCFS SWHPQPQHST PQSMLDAFSK YL
50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

20 APATALGRGR EELRCMGVAG TALGRARPSL PSLCLPGRPS PASGCPGPAM SLARPGWQGP 60
APGRQDPAPG LPPAGSALGE ACPIPSRPEA SPDPFGPYPP GTLVPQPGSP GK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

45 MAQQVFMLDT QCSPKTPNNF DHAQSCQLII ELPPDEKPNG HTKKSVSFRE IVVSLLSHQV 60
LLQONLYDILL EEFVKGPSPG EEKTIQVPEA KLAGFLRYIS MQNLAVIFDL LLDSYRTARE120
FDTSPGLKCL LKKVSGIGGA ANLYRQSAMS FNIYFHALVC AVLTNQETIT AEQVKKVLFEL180
DDERSTDSSQ QC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

PCPQTWQGSS PLPHQELPAP KLLVTSPKGP GSAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

TLPGGSSQWV-CALGHGAHFW-KSDWKWHLGG-WLHFIRQAPV-LGAEQAASEG-GVGRTEKNRE-60
EGHGRSQGPL QKPRTVCLNP KSLRPQTSRY EKDTEAQRRO

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

NVEKVDSSPK RCLPPLFPPW VPPFFYWAVE GIGGEVTALS LTPWGHEEKL NSLMASQNNV 60
GSPKKKGVRI TTWLIRRGQD RAKARIPGWH PVTSPILPP LLPQVRSRDT VVSQPQ

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 321 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 25 (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 TVSQGSPMAP APTPKGATHR VTPPKGATHR APTHKRATHR APTPKGATPR GHIPRAPSAP 60
NPYGQPQVFP GQDPDSPQHG NYQEEGPPSY YDNQDFPATN WDDKSIRQAF IRKVFLVLT 120
QLSVTLSTVS VFTFVAEVKG FVRENVWTYY VSYAVFFISL IVLSCCGDFR RKHPWNLVAL 180
QSVLTASLSY MVGMIA SFYN TEAVIMAVGI TTAVCFTTVI FSMQTRYDFT SCMGVLLVSM 240
VVLFIIFAILC IFIRNRILEI VYASLGALLF TCFLAVDTOL LLGNKQLSLS PEEYVFAALN 300
LYTDIINIFL YILTIIGRAK E 321

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

15 YSDTSTLYFI RIGRQIFVQK PTDKYFERIS NIILDIMIIF SILRMKNWIL RFCFGVFLYK 60
FS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MSGFKNFKQS FTMSFFFTLK NINCYFTSTN QQDIIYGKKY SIEILCCNMG KCKCFSWFLS 60
M

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

35 MHYLFRLTVP YPNLHLAIRI FNPGRNNSV VSFFCKQLKE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MARNIPLKYC AVTWESVNVF HGFYQCEIKF NSEKKKK

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

MKIKQKITID SSSSTVVGFK RVQSKLYTMR R

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

MIAIFMSASK TNTKNNLTKV KISNKSTGR

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

25

MDVALMEHSN CSSEPGFWAH PPGAQAGTCV SQYANWLVVL LLVIFLLVAN ILLVNLLIAM 60
FSYTFGKVQG NSDLYWKAQV TASSGNSTLG PRWPRPLSSS PTCASCSGNC AGE

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

50 MPTGWWCCSS SSSCSWPTSC WSTCSLPCSV THSAKYRATA ISTGRRRLPP HPGIPLSARA 60
GPALYRHLPL APPAQAIQQA S

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

MAMSKLTSRM LATSCKMTRS STTSQLAYWE TQVPAWAPGG CAQKPGSDEQ LLCMRATSM 60
SSWGICPKIC R

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

45 MLRPQRSFDP TLLFSEGKMG PRSYRASSWC AGTPGLTQTP E.

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

MNRDFIEKAR ENSYQPQGGL KVRLEEDLEE YESTLRFYLS CLFWVGKFNL SD

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

MNFVFFYSSN KVGTDLSTTN LPSHALPLTM LCSRSAPFWP VCFVKNLICE LLFLVIYI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 296 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

15

LGQVLQPGGE SEEMHGSWKR PHTDPQGSI SSDSRASASA WWSPRECRVG ARVGWGAAAD 60
PPHAICVPRY KYEFCPFHNV TQHEQTFRWN AYSILGIWH EWEIANNTFT GMWMRDGDAC120
RSRSRQSKVE LACGKSNRLA HVSEPSTCVY ALTFETPLVC HPHALLVYPT LPEALQRQWD180
QVEQDLADEL ITPQGHEKLL RTLFEDAGYL KTPEENEPTQ LEGGPDSLGF ETLENCRAH240
KELSKEIKRL KGLLTQHGP YTRPTETSNL EHLGHETPRA KSPEQLRGDP GLRGSL

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

40

IFLHYRHLCN GLQEFMELFL SVWELIKTLN LCFVCFSEHK PGQLVPAGPT SQLLCRALGR 60
VHLCSPTRRS QTPTQSWVTP QLLWRLGSGR LVAQVLQVGS FCGPRVGDAV LGEQTFQPF120
LL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

15

QGVGVADEGG LERQRVDAGA RLGHMGQPVA FSTRQLHLAL PAPGTAGVTV PHPHAREGVV 60
GDLPLVPDAE DPTVGVPAEG LLVLGHVVER AELILVPGDT DGMRGVRS CA PAHPRTHPAL120
TWTPPG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

40

MARKALPPTH LGQSWFCSCC RDELAISAL RARTATGSPG SCRCTAGPLP CASALES CCC 60
RVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

10 MTVLEAVLEI QAITGSRLLS MVPGPARPPG SCWDPTQCTR TWLLSHTPRR RWISGLPRAS 60
CRLGEE

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

35 MLGCSFKLRT THHAYPGAEG PDHSLRTEE AACYSWCCIP PDTLLFPA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MSLGVTGSGA EDEVEEEAGY PCPWWAGAGR VAQWPRSAGR TPSWHQAIS RVGSAVLLLP 60
SGPCSG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MAAATPRQET AECLEGCNTR SNRQPPLFLM SDGQALQHLD RHGGWS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

MVRPFSTWIG MVGGPKLEAA PQHFSLRSGR GLQHAPFYSV AARKAGP

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

25

MVGWGWKGGG VASKCREDSQ LAPGHQQPGG QCRAAVALRA LQW

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQOGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120
TGRPSCCGGG SISA VRK VIG FMC FICKNGC LNFLT SYW

50

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTYSW

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

25

MCQAQCWAHE APRSGPPARS KAQLRWREP LRSGAVSVQG GRCPALGYGV EASMGWGRPA 60
SF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MASRLPWGGG GQLPSDRMGA YSAWCDLCTT RVPGAHPPE TPRPFQHGPA KLLRRRQHFS 60
CEEHWHIVF YL

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20 MNPMTFLTAE MLPPPQQLGR PVLEGSGCLL GRMCTWNTGC AQITPGTVCA HPVRRKLASP 60
TPWKPRRHTP VLDTCHPEPK RPLTSGAPST TSAGPCCGQV ARTLVPRVPS TVPGTWWILR120
SACCTEAVCS GKGCEHRSI CI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

45 MFSTQFIWWM FLQVTLRILL MKNHYF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

15 MPFYLNKTKE NLPNTEKQLP LERELNVFN PVHLVDVFAG YSENFAYEKS LFLV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MGISIALCTS CSNTTTSRES WDYRCSVR

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

10 MNTLIKPSCR ILSCAKVHRT HLPYTRT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 MLFCPSALWG ATAGGGDPPA ICGPVGPALY SLLLQPGRAF HLPAPGYPT APSAHWSLCR 60
LPADLLADLC RGPLLRLRL RPDVSATAVD ADVEPLLHVR GGAGAHCH REPPGLPGPR120
PLGLRLQAPP LGLSLALAL GVGGSGGLT HL

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 MTGLFTVYSW PVQSCCSFTF LGPCNFPPLN CPEGMPLPQE EGSRQGNLPT KRGVCVFVPT
RGGWGVPGWC GG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

25 MDLVFLQGKR WTAVFLKDAE GMGPGGERH SSFLSSLSP L PQGSLMLVSA PLPGFP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 30 (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

45 MPAIRQHPAV GAVGWGRPTL MTFFFSFNEE TPKKAVERTC PT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

50

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

MAVNTEHLSC HSWSTLIFQK PALSGKEVLL

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

40 MKRISQDGCK HRAFELPLLE HIDFSKASSV RKGGA VMSSS SSGQRGRP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

10 MLCVYSHLGL SFSCGAGPFH SFLWCFFIKR KKKSHQCGSP PPHCPHSWVL PDCWHSLEEI 60
LDGRFRGGEK WHCLMQLCKQ EKPCRSSKHC CPLGQPPGQA RAHTSRLGLR LGTRWL

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MEAKKAQGSM NGLGRGTRPC LCLRSPHTTA DQMETMGKQS FVPVSPFSPD STKRWKAELG 60
ISQGRVLPFAF LPLNFTLPYL WLWKESHLNL NQTSQYQ

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

5 RHELPWDLGF SGRCDQNKQ RSRRARGSGG GVFRGAHLPG AAGQPEPHRA ALASRRRLTRK 60
LYKCIKKAVK QKQIRRGVKE VQKFNKGK GIMVLADTL PIEVYCHLPV MCDRNLPYV120
YIPSKTDLGA AAGPSAPPV

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

30 WSSPMRSTRR LTMSAWRRCS PCPYPYEGLR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

50

HLGTCRWKLL GWQQDDWLSS CPPTLTASSQ FPKARLLPRQ L

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

20 QPFHEGNASL LSISAISCRT KGCSKNVGWG K

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1663 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142:

GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG GCGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC120
GGTGTGGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCGGGTA GGCGTCTGCG CTCGGTTTGA180
GGGCTCGGCG CGGGGTTTCC TGTTCTTCT TCTGCGCGGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC240
5 TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT300
GCTGGAAAAG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT360
TGAGACAGAA ATCAAGAACA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA420
TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATACGG TGAAAATCAG480
TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT540
10 TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTCACA GAGAGGTCAT TTGATCTTTT600
GGTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACAACTCTCT TGAAACCCAT660
CTCTGTGGAA GGCAGTTCAA AAAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA720
GAAAGTGGAA AACACAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA780
AGAGAAGCCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA840
15 GAAAATTTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAACC ATTAATAAAG CCTGGGTGGA900
ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTTGA GACTTTAAAG TCGTTTTGGG960
AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT1020
ATATAAATTT GACAGATAGC TATTTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCTCCA1080
TTTCCTACTG GAGGATTTAT TTAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG1140
20 TTTTATTAGT ACCCTGGTCA TTTTGTTCAA GGAAGGGTTA TATTGCATTC TCACGTGAAA1200
TATAAAAAGC AAGTCTTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTTTT TGTTTACGTA1260
AGAATTGGAA AAGTATTTGC TTGCCTTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTA1320
AAATTGAGTA AAACCTGAAG TTTTGCATAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGTT1380
GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACCAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA1440
25 TGCCTAATT CAATCACAGG TGTTTCTATC TAGATTTAAA TATATTTGTC AATGAATGTG1500
GAATAGAAAA TCTAAACATG ACAATAATAG ACATATCTTT GTATGGTACC AGTTAGTTTT1560
GCCGTGGATC AGATGGTTTA TAAAGTAAT AACCATAAAG CAAAAAATAA TTTGAAAGCC1620
CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTTCTTCAT TAA

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

35 (A) LÄNGE: 312 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

50

VGGARLGGLC VLA VGGGGGC LAKVRDPSRA GGGPRSCAGS VWAQAAAPRL VRVGVCARFE 60
GSARGFLFLL LRGCSGLRP DPAPMASEEL QKDLEEVKVL LEKATRKVR DALTAEKSKI120

ETEIKNKMQQ KSQKKAELLD NEKPAAVVAP ITTGYTVKIS NYGWDQSDKF VKIYITLTGV180
HQVPTENVQV HFTERSFDLL VKNLNGKSYS MIVNNLLKPI SVEGSSKKVK TDTVLILCRK240
KVENTRWDYL TQVEKECKEK EKPSYDTETD PSEGLMNVLK KIYEDGDDDM KRTINKAWVE300
SREKQAKGDT EF

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2105 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144:

30

35 CAGGACTTCA TCGGCGGAGA GCCCAGCCCC GGCCGCTACT GCCACGGAGG CTTTGGGGTG 60
CTGCTGTCGC GCATGCTGCT GCAACAACCTG CGCCCCCACC TGGAAGGCTG CCGCAACGAC 120
ATCGTCAGTG CGCGCCCTGA CGAGTGGCTG GGTCGCTGCA TTCTCGATGC CACCGGGGTG 180
GGCTGCACTG GTGACCACGA GGGGGTGCAC TATAGCCATC TGGAGCTGAG CCCTGGGGAG 240
CCAGTGCAAGG AGGGGGACCC TCATTTCCTGA AGTGGCCCTGA CAGCCCACCC TGTGCGTGAC 300
CCTGTGCACA TGTACCAGCT GCACAAAGCT TTCGCCCCGAG CTGAAGTGA ACGCACGTAC 360
CAGGAGATCC AGGAGTTACA GTGGGAGATC CAGAATACCA GCCATCTGGC CGTTGATGGG 420
GACCGGGCAG CTGCTTGCC CGTGGGTATT CCAGCACCAT CCCGCCCGGC CTCCCGCTTT 480
40 GAGGTGCTGC GCTGGGACTA CTTACCGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCGC CGATGGCTCA 540
CCCCGCTGCC CACTGCGTGG GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT 600
CTAGAGGAGC TGAACCGCCG CTACCACCCG GCCTTGCGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG 660
AATGGCTACC GACGCTTTGA TCCGGCCCCG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTTGCAGCTG 720
GAGGCACTGA CCCCCAGGG AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG 780
45: CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT CTTGCCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCTC ACGTCTCACT 840
GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCTT GGAGGCCTTT 900
GCCACTGCAG CACTGGAGCC TGGTGATGCT GCGGCAGCCC TGACCTGTCT GCTACTGTAT 960
GAGCCGCGCC AGGCCAGCG CGTGCCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCCAT1020
GTGGCAGAGC TGGAGCGGCG TTTCCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA1080
50 GCCGCAGCCT CACCACTACG CCTCATGGAT CTACTCTCCA AGAAGCACCC GCTGGACACA1140
CTGTTCTCTG TGGCCGGGCC AGACACGGTG CTCACGCCTG ACTTCCTGAA CCGCTGCCGC1200
ATGCATGCCA TCTCCGGCTG GCAGGCCTTC TTTCCCATGC ATTTCCAAGC CTTCCACCCA1260
GCTGTGGCCC CACCACAAGG GCCTGGGCCC CCAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT1320

5 GATCGCCAGG CAGCCAGCGA GGCCTGCTTC TACAACTCCG ACTACGTGGC AGCCCGTGGG1380
CGCCTGGCGG CAGCCTCAGA ACAAGAAGAG GAGCTGCTGG AGAGCCTGGA TGTGTACGAG1440
CTGTTCTCTCC ACTTCTCCAG TCTGCATGTG CTGCGGGCGG TGGAGCCGGC GCTGCTGCAG1500
CGCTACCGGG CCCAGACGTG CAGCGCGAGG CTCAGTGAGG ACCTGTACCA CCGCTGCCTC1560
10 CAGAGCGTGC TTGAGGGCCT CGGCTCCCAG ACCCAGCTGG CCATGCTACT CTTTGAACAG1620
GAGCAGGGCA ACAGCACCTG ACCCCACCCT GTCCCCGTGG GCCGTGGCAT GGCCACACCC1680
CACCCCACTT CTCCCCCAA ACCAGAGCCA CCTGCCAGCC TCGCTGGGCA GGGCTGGCCG1740
TAGCCAGACC CCAAGCTGGC CCACTGGTCC CCTCTCTGGC TCTGTGGGTC CCTGGGCTCT1800
GGACAAGCAC TGGGGGACGT GCGCCAGAG CCACCCACTT CTCATCCCAA ACCCAGTTTC1860
15 CCTGCCCCCT GACGCTGCTG ATTCGGGCTG TGGCCTCCAC GTATTTATGC AGTACAGTCT1920
GCCTGACGCC AGCCCTGCCT CTGGGCCCTG GGGGCTGGGC TGTAGAAGAG TTGTTGGGGA1980
AGGAGGGAGC TGAGGAGGGG GCATCTCCA ACTTCTCCCT TTTGGACCCT GCCGAAGCTC2040
CCTGCCTTTA ATAACTGGC CAAGTGTGGA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2100
AAAAA 2105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1125 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145:

CGGGCGGCCC ACCCCAGATC TCCTGCACGT TGTGGGGCCC TCGGCGCACG CGGTTAGCTG 60
GCGGTGCAGG GCCTCGGCGC GGGTCAGCAC GTCCTCCACG CTCAGCTTCA TAGTCAGCTC 120
GTTGATGTGC TTGAGGATCT CATTGGAGCC GAAGCCGGAC AGCATGAGGG TGTCCTCTC 180
45 CATGTCCAGG ATGGCGCAGG CCACCAGCAG GTGCAGATTG GGGCCAGGGA GCCCTGTCCA 240
CAGCACCTCC CACAGCCGAA GGACATCCGG GAAGGGGAAT TCCCTCTTGA ACCAGATGAG 300
CAGCCACCGG AAACAGAAGC AGAGAGAGCC GGAGTCCTGG GAATCCAGGA AGTCGCAGAG 360
CAGGGGGTCC AGCACCTCC GGAGCAGCAG CAGTCGCCCG AGTTGCCGCT TCATGGTCTC 420
CTGGCTCTCT TCAAAGCTCG AGCCGCTCGA GCCGAATTG GCTCGAGAAA CCAGCCTGCT 480
50 CCTGGAGCTT CCCTGGACTC AACTTCCTAA AGGCATGTGA GGAAGGGGTA GATTCCACAA 540
TCTAATCCGG GGGCCATCAG AGTAGAGGGA GTAGAGAATG GATGTTGGGT AGGCCATCAA 600
TAAGGTCCAT TCTGCGCAGT ATCTCAACTG CCGTTCAACA ATCGCAAGAG GAAGGTGGAG 660
CAGGTTTCTT CATCTTACAG TTGAGAAAAC AGAGACTCAG AAGGGCTTCT TAGTTTCATGT 720
TTCCCTTAGC GCCTCAGTGA TTTTTCATG GTGGCTTAGG CCAAAGAAA TATCTAACCA 780

TTCAATTTAT AAATAATTAG GTCCCCAACG AATTAAATAT TATGTCCTAC CAACTTATTA 840
 GCTGCTTGAA AAATATAATA CACATAAATA AAAAAATATA TTTTTCAGTT CTATTTTCAGT 900
 GTTAATGAGA ACTACTTACT AAGGAGATGT ATGCACCTAT TGGGACAGTG TGCAAGTTCT 960
 TCAGCTGGGA TTGAGGGTGG GCAATGCTGC CCCTCAATT CTGCTTCCAG GTGGGTGGTT1020
 5 CCATATGGTA CTTGAGTTT TATCAGAGGG CCTGGGAAAA CCCCAGTCTC AAAAAATAT1080
 TGAATTATC AGAAGGGTTA TAGTGGCAAT CTTATGTTGA AAGGA 1125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1490 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146:

TCGGCACTGG GGGGCAGGG TCGATCGGCT CAACTATGAA GATCACTGCT TCAGCGGGCA 60
 CGCCACCATG CACGCCGAGA ACCTGTGGCC GGGGCGGCTG TCCTCCGTCC AGCAGATCCT 120
 35 GCAGCTCTCT GACCTGTGGA GGCTGACCCT CCAGAAGCGT GGCTGCAAGG GGCTGGTGAA 180
 GGTGGGTGCC CCAGGCATCC TGCAGGGGAT GGTGCTCAGC TTTGGGGGGC TGCAGTTCAC 240
 AGAGAACCAC CTCCAGTTCC AGGCCGACCC CGACGTGCTG CACAACAGCT ATGCATTGCA 300
 TGGCATCCGC TACAAGAACG ACCATATCAA CCTGGCCGTG CTGGCGGATG CCGAGGGCAA 360
 GCCCTACCTA CACGTGTCCG TGGAGTCCCG TGGCCAGCCT GTCAAGATCT ATGCCTGCAA 420
 40 GGCAGGCTGC CTGGACGAGC CAGTGGAGCT GACCTCGGCG CCCACGGGCC ACACCTTCTC 480
 GGTCAATGGTG ACACAGCCCA TCACGCCACT GCTCTACATC TCCACCGACC TCACACACCT 540
 GCAGGACCTG CCGCACACGC TGCACCTCAA GGCCATCCTG GCCCATGATG AGCACATGGC 600
 CCAGCAGGAC CCCGGGCTGC CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCTC 660
 CTTCCACCTC TTCCTCTTCA AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCTG GAGCCAAGCC 720
 45 CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTTCAGCC 780
 ACCATTGCA CAAGACACCC AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG 840
 GAAGCACCCG CCCTTTGTGC CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT 900
 ACACCAGAGT TTGCATTGGA AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAGGG GCCAGTGGAC 960
 CTTTTGTAAG CTTTCCACTC AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAAC1020
 50 CACTCCTTCC ACTTTCCCC TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC1080
 TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT GTCCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTTCT TAATGAAGTT1140
 TTAATTTATT TTTGTTGAGA TTTTGCTAGA TGGCTTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAAGT1200
 GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT CGGCGTTCGG AGGCCCCACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG1260

CCCCCAGGG TGGCTGTGCT GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTGTGTGCTG TCATCCTCGG1320
GTTTGCACGC CCTTTTTTAG GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA1380
GGGGAGGTGT TTAACCTTCT AGTGATTGAT GATTGTGTCAGG TTTTGAAATA CCAAAGCTTT1440
TTTGTCTCTGT TTTTAAATAA ATATCTTTCA AACTTTCAAA AAAAAAAAAA 1490

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1692 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147:

35

40

45

50

TTTTTTTTTT TACTAGAAGT TATTTATGTT TAATGCTTAA AAGTCTGAAT TCACAAACAA 60
TCTACCATTA TAGAAGTACT GGTGGTCAAT ACAATGCATT AGAACTATGT ACAACGCACA 120
GTTTAGTATC AAAATCTTTC TACACTGTAG AGTTTTACGA AACTGTTAAT GACATCAAAC 180
ACTAAGCACT TAAGACACCA TTTTTTCTG CTACCACATT AGGAACGTCA ATGGACAGTC 240
CATTTCAACT TGCAGCATCC ATCCATTTGT AGTATGAAAT TAAGTAATTT TCTACTTATA 300
CAATAAAGTA TATCTACACG GTTCTTTTGA TTTTGATCCA TCGCAGCAAC GGCCTGTAC 360
ATCAGCCTCG AGCCGATTCT GCTCGAGCTT GCCTGTGCCC TATGTCCTGT AGGCCTCACG 420
TCTCACTGTG CTGCTGCCTC TAGCTGCGGC TGAGCGTGAC CTGGCCCCCTG GCTTCTTGGA 480
GGCCTTTGCC ACTGCAGCAC TGGAGCCTGG TGATGCTGCG GCAGCCCTGA CCCTGCTGCT 540
ACTGTATGAG CCGCGCCAGG CCCAGCGCGT GGCCCATGCA GATGTCTTCG CACCTGTCAA 600
GGCCCATGTG GCAGAGCTGG AGCGGCGTTT CCCCAGTGCC CGGGTGCCAT GGCTCAGTGT 660
GCAGACAGCC GCACCCTCAC CACTACGCCT CATGGATCTA CTCTCCAAGA AGCACCCGCT 720
GGACACACTG TTCCTGCTGG CCGGGCCAGA CACGGTGCTC ACGCCTGACT TCCTGAACCG 780
CTGCCGCTATG CATGCCATCT CCGGCTGGCA GGCCTTCTTT CCCATGCATT TCCAAGCCTT 840
CCACCCAGCT GTGGCCCCAC CACAAGGGCC TGGGCCCCCA GAGCTGGGCC GTGACACTGG 900
CCGCTTTGAT CGCCAGGCAG CCAGCGAGGC CTGCTTCTAC AACTCCGACT ACGTGGCAGC 960
CCGTGGGCGC CTGGCGGCAG CCTCAGAACA AGAAGAGGAG CTGCTGGAGA GCCTGGATGT 1020
GTACGAGCTG TTCCTCCACT TCTCCAGTCT GCATGTGCTG CGGGCGGTGG AGCCGGCGCT 1080
GCTGCAGCGC TACCGGGCCC AGACGTGCAG CGCGAGGCTC AGTGAGGACC TGTACCACCG 1140
CTGCCCTCCAG AGCGTGCTTG AGGGCCTCGG CTCCCGAACC CAGCTGGCCA TGCTACTCTT 1200
TGAACAGGAG CAGGGCAACA GCACCTGACC CCACCCGTGC CCCGTGGGCC GTGGCATGGC 1260
CACACCCAC CCCACTTCTC CCCCCAAACC AGAGCCACCT GCCAGCCTCG CTGGGCAGGG 1320

CTGGCCGCTAG CCAGACCCCA AGCTGGCCCA CTGGTCCCCT CTCTGGCTCT GTGGGTCCT1380
GGGCTCTGGA CAAGCACTGG GGGACGTGCC CCCAGAGCCA CCCACTTCTC ATCCCAAACC1440
CAGTTTCCCT GCCCCTGAC GCTGCTGATT CGGGCTGTGG CCTCCACGTA TTTATGCAGT1500
ACAGTCTGCC TGACGCCAGC CCTGCCTCTG GGCCCTGGGG GCTGGGCTGT AGAAGAGTTG1560
5 TTGGGGAAGG AGGGAGCTGA GGAGGGGCA TCTCCCACT TCTCCCTTTT GGACCCTGCC1620
GAAGCTCCCT GCCTTTAATA AACTGGCCAA GTGTGGAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1680
AAAAAAAAAA AA 1692

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148:

CTACGACCCG ATTGGCTTCG GGCTCAGCTG GGAGGCGGGA CGAATTATTG GTTGGGGGAA 60
ACCCACGAGG GGACGCGGCC GAGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG GGAGTGAGGT120
ACCAGATTCA GCCCATTTGG CCCCAGCGCC TCTGTTCTCG GAATCCGGGT GCTGCGGATT180
GAGGTCCCGG TTCCTAACGG ACTGCAAGAT GGAGGAAGGC GGGAACCTAG GAGGCTGAT240
TAAGATGGTC CATCTACTGG TCTTGTCAGG TGCCTGGGGC ATGCAAATGT GGGTGACCTT300
40 CGTCTCAGGC TTCCTGCTTT TCCGAAGCCT TCCCCGACAT ACCTTCGGAC TAGTGCAGAG360
CAAACCTCTC CCCTTCTACT TCCACATCTC CATGGGCTGT GCCTTCATCA ACCTCTGCAT420
CTTGGCTTCA CAGCATGCTT GGGCTCAGCT CACATTCTGG GAGGCCAGCC AGCTTTACCT480
GCTGTTCTTG AGCCTTACGC TGGCCACTGT CAACGCCCGC TGGCTGGAAC CCCGCACCAC540
AGCTGCCATG TGGGCCCTGC AAACCGTGGA GAAGGAGCGA GGCCTGGGTG GGGAGGTACC600
45 AGGCAGCCAC CAGGGTCCCG ATCCCTACCG CCAGCTGCGA GAGAAGGACC CCAAGTACAG660
TGCTCTCCGC CAGAATTCTT TCCGCTACCA TGGGCTGTCC TCTCTTTGCA ATCTGGGCTG720
CGTCCTGAGC AATGGGCTCT GTCTCGCTGG CCTTGCCCTG GAAATAAGGA GCCTCTAGCA780
TGGGCCCTGC ATGCTAATAA ATGCTTCTTC AGAAAAAAA AAAAAAAA AAGGGGAGAA840
AGAAAAAGGA AAAGGCGAGA GGAGCG 866

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149:

25

ATTTCTACTT CTCTCCAAGC GTCCAATTTA TAATAACATG TGCATCTTGT TTTCCCTGCC 60
AAACTAAATT TCGTGAGGGG GTACATACTG CACAGTTTTT TTTGTCACAT ACTGCTTATG120
ACACATGAAT ATGCAGAGCT TGTCAAGCTC TTTAATTAAG TTTAAAATGC TAATTGAGTG180
30 AATCAAACT TAACCATTAT GGTAGGCTA AAAATGTCAG CTTGTGTTTA TATAGTGCTT240
ACCTCAGTAT TGGAAATGCC ATGAGTTTAG TATCAGAAGG ACATTATTAC TAGTGCAATTT300
TAAAGTGATA CCAGTCATAG TTGCAAAAGA AAGTACACAA TGGGAAATGG AAGAGAAATG360
TAGGGAATCA AAACAAC TAGTTTTCCCT TATAACGGAA GTTTTATAAT TCATCTTTTA420
TGTAAGTGTA ATTCTCATT AAAATACCCT AAAGCTTAAA GTTTGCAAGG CTGCCCAGCC480
35 TAACCCACAA CAGTTTGATG CTGCCCCCTA GCGTTTGATT CCCTTCACCT TTTGCTAAAA540
TAAGGTAATG TTTAAATTAC AATTAGATTT ACTTACTGCT GTAAATCTGG TCTATTTTAG600
TTTCCTCTGG GTAGTTAGTG TTGCTAATAA GATGGACGTA AGTGTTTTTG AACTGGTGAA660
TTCTGATTGC TTTTAGCCCC CAGTTTTCCA AATAGGGGTG AATTCTGGGT AGAGATAGAA720
CAATCACCAA GTTACCTTGC TCCAAAAAAG AAATTTACGT ATGGGATTGT TTTCAAAGCG780
40 GGAAGTTAGC TGTGTAAATA ACAACAATT TATATATTTA ATCTGGGCTT CTCCTTATCT840
TGAATGATAT AAAAATCTAC TTTCTAGATT AATTTAGTTC CATATAACTT TGTATTGCTT900
TGACTGTACT GATAATAAAG TTTGAAAGTG TTAAATTTAA AAAAGAAAAA AAGAGGCAAA960
AGGAAAGACA AGAAAGGGAC CCGGGAGGGA TC 992

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1640 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN.

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150:

20	GGTCCGGGGC	GGAAAGTGGG	TCAGGGCCGG	GCCGGCGGAC	GCGCAGGGGG	GGCTGCAGAT	60
	TCTTTCCACC	ATGGCCAGAC	GCCCCCGGAA	CAGCAGGGCC	TGGCACTTCG	TCCTGAGTGC	120
	AGCCCGCCGA	GACGCAGATG	CCCGGGCCGT	GGCTCTAGCA	GGCTCCACTA	ACTGGGGCTA	180
	CGACTCTGAT	GGGCAGCACA	GCGACTCGGA	CTCCGACCCC	GAGTACTCCA	CGCTGCCGCC	240
	ATCCATCCCC	AGTGCGGTGC	CCGTGACCGG	CGAGTCCTTC	TGTGACTGTG	CTGGGCAGAG	300
	CGAGGCCTCC	TTCTGTAGCA	GCCTGCACTC	GGCCCACCGG	GGCAGGGACT	GCCGCTGCGG	360
25	AGAGGAAGAC	GAGTGTGAGC	GTGGGGCCCA	GCCCCTGCTG	GGACTGCACT	GCGGGCGGGC	420
	CTGGGGGTGG	GCAGGGCAGA	GCCCCATGGA	GCTCTCAGGG	CTGCCCCAGC	CTGGGCCTCT	480
	CTTGACAGATT	TCGACTGGGT	CTGGGATGAC	TTAAATAAGT	CATCAGCCAC	CCTGCTGAGC	540
	TGTGACAACC	GTAAGGTCAG	CTTCCACATG	GAGTACAGCT	GCGGCACAGC	GGCCATCCGG	600
	GGCACCAAGG	AGCTGGGGGA	GGGCCAGCAC	TTCTGGGAGA	TCAAGATGAC	CTCTCCCGTC	660
30	TACGGCACCG	ACATGATGGT	GGGCATCGGG	ACGTCGGATG	TGGACCTGGA	CAAATACCGC	720
	CACACGTTCT	GCAGCCTGCT	GGGCAGGGAT	GAGGACAGCT	GGGGCCTCTC	CTACACGGGC	780
	CTCCTCCACC	ACAAGGGCGA	CAAGACCAGC	TTCTCGTCGC	GGTTCGGCCA	GGGCTCCATC	840
	ATTGGCGTGG	ACCTGGACAC	CTGGCACGGC	ACACTCACCT	TTTTCAAGAA	CAGGAAGTGT	900
	ATAGGTGTGG	CAGCCACCAA	GCTGCAGAAC	AAGAGATTCT	ACCCGATGGT	GTGCTCCACG	960
35	GCGGCCCGGA	GCAGCATGAA	GGTCACCCGC	TCCTGTGCCA	GCGCCACTTC	CCTCCAGTAC	1020
	CTGTGCTGCC	ACCGCCTGCG	CCAGTGCGGC	CAGACTCGGG	AGACACGCTG	GAGGGTCTGC	1080
	CGCTGCCGCC	GGGCCTCAAG	CAGGTGCTAC	ACAACAAGCT	GGGCTGGGTC	CTGAGCATGA	1140
	GTTGCAGCCG	CCGCAAGGTC	CAGTGTCCGA	TCCCCAGGCA	GCGACCTCCG	CCCACCCAG	1200
	CAGTCGCGAG	CCTCGGCCCT	GCCAGAGGAA	GCGCTGCCGC	CGGACCTGAC	TGACTTCCCA	1260
40	GTGGAAGTGC	CTTCTTGGGC	TGGGACAGCC	CTTTCCTCTG	TCCCTTCTTT	CTCTGTCCCT	1320
	TCCTTCCAGC	CACACTCCAG	GGCGGAGTTG	GATGAGGCC	GTCCGGAGGG	AGCCATCTCT	1380
	TGCTCCCGAG	GCTGGGACAG	TCCTTTCTGT	GGGGGCTCTA	GGGCCCCCTC	GCTGCTGTGC	1440
	TGGGTGGGGA	AGCGGCTGCC	CTGAGCCCCA	GGTCTTGTGG	GAGGCTGCGA	GGACGAGAGC	1500
	CTGGCTGGAG	CCCGCGTTGC	TGTTCCCACA	GGGCCTCGGT	TTTTCTTAAC	TTGCTCTGCA	1560
45	TGCTGTCAGC	GGCTGCCCCG	CCGTCATAGA	CTTAAAGGAC	TGCAATAAAT	GTAGAGTTGA	1620
	TGTCTAACAC	CCAAAAAAA					1640

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 974 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151:

20 GCACGCTATG CTAGCCACAC TTCCGGCAAG AGCAGCTAGA ATCGTTCCGG TGCATATTGA 60
ATAGGCGCAG AAAGGGAGAA AAAGATTCTA CAGCCCTGGC CACAGTACTT TGGTGACACT120
TTTCGTGGGG CTCTCTGGAG GACTTTTCCC AAGGCAGATG GAGAAAACCTT CGTGAAACCC180
25 ACTCCTTGCT ATTAAAGGAA ATGTTGTGGA ATATAATTGG ACTTAGGTTT TGCAGAGCTT240
GAGCATGGCC TTTTGTCTCT CCCACCTTCT GGTTCTTGAA GACATTGCCG GTGACCTGGC300
CCCAGACTAA CACAAGGCGG GCGTATACCG TCAGCCTGCC TGGCGTCCCC TTGCCTCAGC360
ACACACAGAG ACCTCTTGCA AGATGCTTCT CTGCCGCCAT AGGCTGGAGG TTCCCCGGGA420
ACTTTTCCCT TCCTTCCTAG CTGAGGAAGA TCCCTCACTT CCGCTCGCCG CGCCACCGGT480
30 CCCACCTCCC CGCCCCCGC TGGGTCCTAG CGCCGGCCCC TGTTTGCCAG GGTCCGGGCT540
CCGTCGGTGC GAGGAGCCGA CGCCGACGCC ACGGAGTCAG CACAAGTCTC ATCAGAGAAA600
CCCCGTTTAC CAAGGCCATG GAAGTGGAGG CTGCAGAGGC CCGGTCCCCA GCCCCCGGCT660
ACAAGCGCTC GGGCCGCCG TACAAGTGCC TGTCTGTAC CAAGACATTT CCAAACGCGC720
CCAGGGGAGC GCGCCACGCT GCCACACATG GGCCGGCAGA CTGCTCTGAA GAGGTGGCCG780
AGGTGAAGCC AAAGCCAGAG ACAGAAGCTA AGGCAGAGGA AGCCAGTGGG GAGAAGGTGT840
35 CAGCGTCCGG CGCCAAGCCT AGGCCCTATC GGTGTCCGCT ATGCCCCAAG GCCTACAAGA900
CGGCACCCGA CGTGCGCAGC CACCGGCGCA GCCACACGGG GGAGAAGCCC TTTCCGTGCC960
CCGAGTGCGG CCGC 974

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1059 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152:

```
GTGGGATGAC CGCGTGTATA GGA CTCTCAG GCTTTTATCC TAGATCACCA CTGGATTGCT 60
GACAGATAGA GGACGTGGGA CCGTGACTAT CACCCCTAAT CTGCAGTGGA TTTGGCTCTC 120
GGCACTCCCA GGCTGGGAGC TGGATACCTG CCCTGGCAGC ATGACTCAGA CTGCATCACA 180
GTCACAGACT CGCCTCTGCT CCTGTGGTCC AGTGGCCGGA CACCCCTGG GATGGCTCAA 240
AGGAGTCAGG ACTTGGAAGT GGGGACATCA GGGTAGCTGA AGGAAATCCA CACACCCAGA 300
GCATCTCGGA GTTCAGACTC TCAGACCTGA AGTAGGCGCC CCCGGGACTG GGCTAGGAGT 360
TGGACGGAAT GGAGGATGGA GGACAGCGAG AAGAAAGGAA GAGAAATGCA AAGTGTGGGC 420
AGCCGCCAAG AGTGAAAATA GAGGGAAGTG TCATGCAAGT GCTGGACAGA AGGCGGCAGG 480
TGGGACGAGC CCCACAGCCC CCTCCTCAAA AACGACCACC TCCAGGACTC AGTGATCCCT 540
GGGGGGCAGG CTCTGCCAGC CCTCGGCCAC ACGTGGCTCC GGCACCCATG GTCCCAGTGC 600
CTTGATGGA GACGGCCAGT TCTGGCGGCC AGATGTGGTG CTCTGGAATC CAGTCCCATT 660
TCCTTCCTGG CCACGCCTGT CCAGCGGCCT CTTAGCCGC ATTCAGCCCC TACTTACCTG 720
GGGACCCCGG CTGGGGCACG AGAGTACCAG GGGGGTAGGG CCCAAAGGGA TCAGGGGAAG 780
CCTCTGGCCT GGAGGGTATG GGGCACGCTT CCCCAGGGG GGACCCGGCA GGAGGAAGCC 840
CAGGAGCTGG GTCCTGCCGC CCAGGAGCTG GGCCCTGCCA CCCAGGCCGG GCTAGGGACA 900
TGGCAGGGCC TGGGCATCCT GACGCTGGAC TTGGGCGACC TGGGAGGCAC AGGGAGGGGA 960
GAGATGGGCG GGCCCGCCCC AGCGCAGTGC CGGCCACACC CATGCACCGA AGCTCCTCCC 1020
TGCCACGCCC CAAGGCGGTT GCCGGAGCTT ACCGGGGGT 1059
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153:

5 GAGAGATCTG AAATAACCTT TCCAGTGGG CAGGGTTGCC AGGGTTGAGG GGACAGCACA 60
TACCACCCCC ACCCAACCTG TTCGAGGGGC CCTGCATGGC ACGGGATGAG TCCCTGCCCT 120
GTGCAGCTGC CTGGCAGTGG CTGGGACAAG GATCTTGCAG CCAGCACAGA GGCCTCTTCA 180
AAGGCCTCTC CCTCTTGGCA CTCCAGGCAA GGCAGGTGCC CGCTTCCCCA ACACCTCCAG 240
GCAGTGACCC TAGGGCATGC CCCAGCAGGT CTCCGAGCAG CCACTGGGAC CCGTCTCAGC 300
ACATCCTGGC CTTTGAAAGT CTGATATCCT GAGAGGAGGG CAGGTTTTAG GGCCGCAGTT 360
10 CCAGCCAGCG TCCCCAGCCT GGCTTCCCTG CCATGGACTC AGTAGCTCGT GGGGCTTCTT 420
ACCACCCACC AGCCCCGCTG GGGTGC GGCC TGGCTGTGGG CAAAGGAGGA CTTGCCTGGA 480
GATTTGAGAG AAGATTCCTT CTACCAGGGC TGCTGAGGGG CCAGGCCTGC ATCAGGGGCT 540
AGGCTCTGGC TGGGCCCGGA GGCTGAGACT AAGGCTTTCG ACCCTGGTGC CTCCATGTGG 600
ATGCTGCCTC AGACAAAGGC AGTGAGCCTT CCCTGCCAAA GTGCCCATCC CATGGGCTCG 660
15 GCCTCACTGG TCACTGTTAG CCCATGAACA CGTGTGGGCC TCGGTCACGT GGCTTTGAGG 720
GCAGTCTGAC CAGGCTAGAC CACACGTGCC GTGACAGGGG GTGCCATTCC CCTCGCAGGC 780
TCTAATGTGC CCACATGTAG CCTGGCAGTC CAAAGACCAA GAATCAACTT GCAAATCTGC 840
CATTAAACTG CTGTGCGACT TCAGGCATAT CACTGCCTTC TCTGGGCTTC AGTGTCTT 900
TCATACCTAG AAGTCTGCGG TCTGAGGCTC TTTGGGTTCA GACACACTGT TCTAGGCTTC 960
20 TGTAGGGGAC CTTGTGATCT GCCGTGCCCC TCCTCCCTGT TCTTTTCTGT CCTCCCCACC 1020
CCACCCTCAG AAGCTGCTTG CTCTGCCCCC AGGACAGGAG CTTGACGGAT GAAGTGCAGC 1080
CAGCCACCCA GGTGCCATTT CCAGTCTGAC TTCCAGAAAT GTGCACCATG TCCTAGAGCA 1140
CAGACCCATT GGCTGGAGCC TCCTGGGAGG GTTCAAACCA TCAGCTCTAT GAGAAATGCC 1200
CAGAAAGGCT TTGCCGACTC CATCCGTCTG TGGAGGCTGC CTGCCTCCGG GGTGGGATGG 1260
25 GTGGTTTCTC CTCCAATTCA GACCCAAGAG GTAGCCCCCG AGGGCATGTA CCTGGTGGGA 1320
AGCAGCTCAG GTACCCTTGG GGGTTGCAGG GCCCTTACGC AGGTATTTCT CTCTCTCTCC 1380
TCTCTGGGGT GCGTGTGTGC GTGGCGCTGT GCGTGCCTAT GCTTTTCTCT GTGGGCACAT 1440
CAGGATGCCC CTCGGAGAGC ATGTGCACGT GTCCCCACCT GAGCGAGCGT GTGTGTGTGC 1500
TCCTCTGCGT CCCAGGTTTG GACGTCTAGG GTTTGGTGTG CCTGTCTTCT GCCCTCCCTG 1560
30 AGCCACAGG GTCAGTCAAT GTATCTTCTA CGTGCCTCTC CCTCTGCCTT CTCTCACAGT 1620
GCCCCCGGCT CCAGAGCTCA GGGGTAGGGG TTCTCCTGAG GGTGCAGGGG ATCCTTCTCA 1680
TCTCCTGGAC CCTCCAGGGC ACTCTGGTCC CTATTCCCCA GCTCCTAGGC AGCTGAGCCG 1740
GGTCCCTTAG GGGAGGTGAC CAGGAGCTTT GGTGCAGGGA GCTCTTGGTG GGGCAAAGGG 1800
CTGGACCCCT GCCAGGTCTG TGGACATGGT TATATGCCCG GGAGAGGGGG GTGCAGGGCC 1860
35 CCAGGGATGG CCCCCAATCC CACCTCTGTT TATTCTGTAA ACTGCAACCT ATAAATAACC 1920
TTTAGCATTC CTATTGTAAC AAAATTAATT TTTATGAAAT AAATTATATT TCCTAGTCTA 1980
ATAAAAAAAA AAAAAAAA AAA 2003

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1130 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154:

```
10 TATTTTTTTT TTTACTGATA TATTGTAGTT TAATAAAACA TAGTTTATAC AGTTCATTGA 60
   AAAAGTATTT TAATACAAAC ACCACTTATA CACAAAACCA AATGTTGATA TTCTTGTTTT 120
   TAAAAATTCT TGATTTCTCT AAAACACTAA GATGCTATCT CAATAGAGAT TGCTTCACAT 180
   TTTCCAGTTT CTTGATCTGT GCATGTCACA TGTAAGATC CATCCCTTTT CATAGTAAGA 240
   ACAGCTAATA TATCACGTAA TCCATTTTCT TTTTATCTA AATCCTGGAG TACAACCTGT 300
15 GCAAACCTGG TTTCTCTTT GGCAGAGTTC TTCCCATCAG ACTCATAGAG TTCAAGGCAC 360
   ACTGAAGATA TGCTTCCAGG GGCTTGCAAT GTGTGTTGTC TTCGAGCTGG CAAAGGAGTC 420
   CCTGATGGAA ACAGCACTGT GAATCTACTG GCTCCTGATT CGTCCACACC CTTAACTAAA 480
   ATATCTCTGG CTGAACACTC TATCATAAGA GAGTCTTCCA CCAACAGGTT TTCTTTCCCA 540
   ATAAGAATTC CTGCTTCTAT AGCTGCACCA ATAGGGATCA CTTCATCAGG AGGGATAGAA 600
20 TTGAGAAGCT CAACAGCTGG GAAAAGATCT TTAATCAGTT GCTGTAGCTT TGGGATTCGA 660
   GAAGACCCTC CACAAAGGAC AACCTTGTTG ATATCATCTG CTGTAAATCC ATTTTGATCT 720
   AAGAGTCCTC TGATTGCTTC TATACACTTA TAAAAAAGTG GAGAACAAAG AAGTTCAAAT 780
   CTTGCTCTGG ACACATTGCA ATCAAAATCT TGACCTTCAT ATAATGAGTC AAGAAAACAG 840
   TTGGCACTTC CCAAGGTTGA CAAAGAATGT TTCGCTACTT CAGCACTGTT CGTTAATTTC 900
25 ATCATGGCTC GCGCATTTCC TCTCACATCA TGTTTGAAGG ATCTTTGGAA CTCAGAAGCT 960
   AGATACTGTG CTAAGGTTTC TGTGAAATGT GCACCACCGA TGTATCATC AGTGTTTGTT 1020
   GAAAGAACCC GATATATTCC ACTGTTAACT TCCATGACGC TGAGAGATAA GGATGTTTCT 1080
   CCAAGCTTAA ACACCAAAT ATTGCTTTTT CCAGTAGGGG AGTCTTGTCC 1130
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 5779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155:

	TTGCGGGAAA	GAGCCAAACC	CTGGCGTTGG	GGGGCCCCGG	CGGGGAGCCC	CTCCCGCGGT	60
	CCACAGCGAC	GCCTGCCCAG	CCCTCCTCCC	CTTCCGGCTC	CGGCACGGGG	CCCCGAGGCG	120
5	TTCGGAGGCC	AGGCGGGTTT	CTGTCAGGCC	CGGGGAGGAG	GGGCGGGCGG	GGCGGCCGCT	180
	GCCTCCCCCG	GACGGGCCGT	ACCACGCGGA	CGGGGAGGAG	GGGGCCACGG	GACTIONCAGG	240
	CGGCTGCACC	GCCCCGGGGC	GGGGTGCGGA	CGGGCCGGCG	GGCTCCCCGG	GGCGGGCCGG	300
	GAGGGCGGGG	CGTGGGGCGG	ACGGAACCAC	CGGGGCGGGG	TGGGAGGTAA	CGGGACGGGC	360
	GCGACCATGG	CGCGGTGAGG	GAGCGGGGGT	GGGGATCGGT	CCGGGGGAGG	CCTGAGGCCG	420
10	CTGGCTTGTG	CGCTGTCTCC	GCCGCCCCCC	TCTTTCGCCG	CCGCCGCCGC	CGCCCCGGGC	480
	ATGTCGTCCA	ACTGCACCAG	CACCACGGCG	GTGGCGGTGG	CGCCGCTCAG	CGCCAGCAAG	540
	ACCAAGACCA	AGAAGAAGCA	TTTCGTGTGC	CAGAAAGTGA	AGCTATTCCG	GGCCAGCGAG	600
	CCGATCCTCA	GCGTCCTGAT	GTGGGGGGTG	AACCACACGA	TCAATGAGCT	GAGCAATGTT	660
	CCTGTTCTTG	TCATGCTAAT	GCCAGATGAC	TTCAAAGCCT	ACAGCAAGAT	CAAGGTGGAC	720
15	AATCATCTCT	TCAATAAGGA	GAACCTGCCC	AGCCGCTTTA	AGTTTAAGGA	GTATTGCCCC	780
	ATGGTGTTC	GAAACCTTCG	GGAGAGGTTT	GGAATTGATG	ATCAGGATTA	CCAGAATTCA	840
	GTGACGCGCA	GCGCCCCCAT	CAACAGTGAC	AGCCAGGGTC	GGTGTGGCAC	GCGTTTCCTC	900
	ACCACCTACG	ACCGGCGCTT	TGTCATCAAG	ACTGTGTCCA	GCGAGGACGT	GGCGGAGATG	960
	CACAACATCT	TAAAGAAATA	CCACCAGTTT	ATAGTGGAGT	GTCATGGCAA	CACGCTTTTG	1020
20	CCACAGTTCC	TGGGCATGTA	CCGCCTGACC	GTGGATGGTG	TGGAAACCTA	CATGGTGGTT	1080
	ACCAGGAACG	TGTTACAGCA	TCGGCTCACT	GTGCATCGCA	AGTATGACCT	CAAGGGTTCT	1140
	ACGGTTGCCA	GAGAAGCGAG	CGACAAGGAG	AAGGCCAAGG	ACTTGCCAAC	ATTCAAAGAC	1200
	AATGACTTCC	TCAATGAAGG	GCAGAAGCTG	CATGTGGGAG	AGGAGAGTAA	AAAGAACTTC	1260
	CTGGAGAAAC	TGAAGCGGGA	CGTTGAGTTC	TTGGCACAGC	TGAAGATCAT	GGACTACAGC	1320
25	CTGCTGGTGG	GCATCCACGA	CGTGGACCGG	GCAGAGCAGG	AGGAGATGGA	GGTGGAGGAG	1380
	CGGGCAGAGG	ACGAGGAGTG	TGAGAATGAT	GGGGTGGGTG	GCAACCTACT	CTGCTCCTAT	1440
	GGCACACCTC	CGGACAGCCC	TGGCAACCTC	CTCAGCTTTC	CTCGGTTCTT	TGGTCTCTGG	1500
	GAATTGACCC	CCTCTGTTGA	CGTCTATGCC	ATGAAAAGCC	ATGAAAGTTC	CCCCAAGAAG	1560
	GAGGTGTATT	TCATGGCCAT	CATTGATATC	CTCACGCCAT	ACGATACAAA	GAAGAAAGCT	1620
30	GCACATGCTG	CCAAAACGGT	GAAACACGGG	GCAGGGGGCC	AGATCTCGAC	TGTGAACCCT	1680
	GAGCAGTACT	CCAAACGCTT	CAACGAGTTT	ATGTCCAACA	TCCTGACGTA	GTTCTCTTCT	1740
	ACCTTCAGCC	GAGACCGAGA	GACTGGATAT	GGGGTCGGGG	ATCGGGACTT	AGGGAGAAGG	1800
	GTGTATTGTT	GCTAGATGGG	AGGGTGGGAG	CGAGATCGGG	TTTGGGAGGG	CTTTAGCAAT	1860
	GAGACTTGCA	GCCTGTGACA	CCGAAAGAGA	CTTTAGCTGA	AGAGGAGGGG	GATGTGCTGT	1920
35	GTGTGCACCA	GCTCACAGGA	TGTAACCCCA	CCTTCTGCTT	ACCCCTGATT	TTTTCTCCCC	1980
	ATTTGACACC	CAGGTAAAAA	AGGGGTTCCT	TTTTTGGTAC	CTTGTAACCT	TTTAAGATAC	2040
	CTTGGGGCTA	GAGATGACTT	CGTGGGTTTA	TTTTGGTTTT	GTTTCTGAAA	TTTCATTGCT	2100
	CCAGGTTTGC	TATTTATAAT	CATATTTTAT	CAGCCTACCC	ACCCTCCCCA	TCTTTGCTGA	2160
	GCTCTCAGTT	CCCTTCAATT	AAAGAGATAC	CCAGTAGACC	CAGCACAAGG	GTCCTTCCAG	2220
40	AACCAAGTGC	TATGGATGCC	AGATTGGAGA	GGTCAGACAC	CTCGCCCTGC	TGCATTTGCT	2280
	CTTGTCTGGA	TTAACTTTGT	AATTTATGGA	GTATTGTGCA	CAACTTCCTC	CACCTTTCCC	2340
	TTGGATTCAA	GTGAAAACCT	TTGCATTATT	CCTCCATCCT	GTCTGGAATA	CACCAGGTCA	2400
	ACACCAGAGA	TCTCAGATCA	GAATCAGAGA	TCTCAGAGGG	GAATAAGTTC	ATCCTCATGG	2460
	GATGGTGAGG	GGCAGGAAAG	CGGCTGGGCT	CTTGGACACC	CTGGTTCTCA	GAGAACCCTG	2520
45	TGATGATCAC	CCAAGCCCCA	GGCTGTCTTA	GCCCCTGGAG	TTCAGAAAGT	CTCTCTGTAA	2580
	AGCCTGCCTC	CCACTAGGTC	AAGAGGAACT	AGAGTACCTT	TGGATTTATC	AGGACCCTCA	2640
	TGTTTAAATG	GTTATTTCCC	TTTGGGAAAA	CTTCAGAAAC	TGATGTATCA	AATGAGGCCC	2700
	TGTGCCCTCG	ATCTATTTCC	TTCTTCCTTC	TGACCTCCTC	CCAGGCACTC	TTACTTCTAG	2760
	CCGAACCTCT	AGCTCTGGGC	AGATCTCCAA	GCGCTGGGAG	TGCTTTTTAG	CAGAGACACC	2820
50	TCGTTAAGCT	CCGGGATGAC	CTTGTAGGAG	ATCTGTCTCC	CCTGTGCCTG	GAGAGTTACA	2880
	GCCAGAAAGT	TGCCCCATC	TTAGAGTGTG	GTGTCCAAAC	GTGAGGTGGC	TTCTTAGTTA	2940
	CATGAGGATG	TGATCCAGGA	AATCCAGTTT	GGAGGCTTGA	TGTGGGTTTT	GACCTGGCCT	3000
	CAGCCTTGGG	GCTGTGTTTT	CCTTGTTGCC	CCGCTCTAGA	CTTTTAGCAG	ATCTGCAGCC	3060
	CACAGGGTCT	TTTTTGGAA	GAGTGGCTTC	CTCCAGGTGT	TCCACCTGCT	TCGGAGCCTG	3120
55	CCACCCAGGC	CCTCAGAACT	GAGCCACAGG	CTGCTCTGGC	CAGGAGAGAA	ACAGCTCTGT	3180
	TGTTCTGCAT	TGGGGGAGGT	ACATTCTCTG	ATCTTCTCAC	CCCCTCAACC	AGGAACTGGG	3240
	GATTTGGGAT	GAGATATGGT	CAGACTTGTA	GATAACCCCA	AAGATGTGAA	GATCGCTTGT	3300
	GAAACCATTT	TGAATGAATA	GATTGGTTTC	CTGTGGCTCC	CTCCAAACCT	GGCCAAGCCC	3360

AGCTTCCGAA GCAGGAACCA GCACTGTCTC TGTGCCTGAC TCACAGCATA TAGGTCAGGA3420
AAGAATGGAG ACGGCATTCT TGGACTTCAC TGGGGCTGCT GGATTGGATG GGAAACCTTC3480
TGGAAGAGGC AGATGGGGGT CAAACCACTG CCCTTGCCCC AGGAAGGGGC CATAGGTAGG3540
TCTGAACAAC TGCCGCAAGA CCACTACATG ACTTAGGGAA CTTGAAACCA ACTGGCTCAT3600
5 GGAGAAAACA AATTTGACTT GGGAAAGGGA TTATGTAGGA ATAATGTTTG GACTTGATTT3660
CCCCACGTCA TAATGAAGAA TGAAGTTTG GATCTGCTCC TCGTCAGGCG CAGCATCTCT3720
GAAGCTTGGA AAGCTGTCTT CCAGCAGCCT CCGTGGCCTC GGGTTCCTAC CGGCTTCTCT3780
GCATTTGGTC TGCTGATCAT GTTGCCATAA TGTGTATGGA AAGTGTAACA CATTCTTACT3840
GGTTAAAGAC GACTACCAGG TATCTAACTT GTTTAACATT GAGATTGTGT GTGTGTGTGT3900
10 ATGTTTGTGT GTTTTGTATA TTGTTTACAT TTTGAGAGGT AGCATTCTGT TTCAAATGCT3960
TTTTGTTTTT CTGACCAGTA TTGTTGACTG GGTCATAACA TTTTGAGCTG TGGTTTGGTG4020
GATTTTCAAT TTTTTTTTTT AAAGGTCATT CGCTGTGCTA TCTTCAAAC CTTGAGTTTG4080
GCCCCCAATT TTTGGCATT CAAATGTTTAA AAGCTATTTA TCTTGTTTAA TACAAGTTTC4140
CTTTCTCTTC TTTTTGTCAT GGTATTCTAT TTGGTCTGCA GTTTGAATGT AGAGAAAGTG4200
15 GACTGATCCC CCAAGCGTTG TCTGCCCCCA CTCTTTCCTC CTTGGGTCCC GCCATTCTTT4260
TACTGGGCAG TCGAGGGCAT TGGAGGGGAA GTGACTGCCC TCAGCCTCAC TCCCTGGGGC4320
CATGAAGAAA AGCTAAACAG TCTCATGGCA TCTCAGAATA ATGTTGGGTC TCCCAAGAAG4380
AAAGGTGTAA GAATAACGAC ATGGCTGATT AGGCGAGGCC AGGATAGGGC TAAGGCCAGG4440
ATTCTTGGCT GGCATCCAGT CACCCCTTCT CCCATCCTTC CCCCTCTTCT TCCACAAGTC4500
20 CGCAGCCGAG ACACTGTAGT CTCCCAGCCA CAGTGATGAG TGCCCTGGAG ACTCCACTGA4560
CCTCTAGATG AAGGCCCTTG GCCCTGGTTC CTGTTAATTA ACCTCTGGGT CTTTGAGTCC4620
CCCAGCACAA ACTTCTTTCC TGTACCCTGC GGCTTGGGGT CACAGGGCAT GCCGGGAAGC4680
CACAGCTGAG GGGCGCAGAC TGAAGCAGTG CTCCACCTCT CCTTCTTTAG CTCAGGGGTT4740
GCTGGTCTGT GGCAGGCGCC ACGAGTGGCC CCTGTGGCTG TTCTCAGTGG CAGTCTCTTA4800
25 AGTTCCCAACC ACAGGCAGCT CTTTATCCCC TCTCCCTACT TGACTCTTTC TCTTGCTGT4860
GCTTTTGGCC TCAAACAGGC CTGCTGGTAG CGCTCAGGGC GTGAGGCTAC ACTCCTGCCC4920
TGCCTTTCCT GTCTTCATGG TCTGCCAGGG CATACTTGG GGAGGTGGAC CAAAGACCCA4980
GGACTTTTTG CAGTAGCCAG TCCTACCCCC CAGTTGTCTT TTTACCAATT CAGGGTGGGA5040
GAGAAACTG CAGCACCCCA GCATGTGAGT TACTCAGGTG TTGGGGGCTA GAAGGGACAG5100
30 TGC GTTTAA CAACACTCAG AGCTCTGGCC TTAAACCTGT GGCCCCC CAA GTCTAGGAGC5160
CTCATCTCTT CCTGGCAGTC ATGCGGGCAG GAGGTCTGA AAGGGAAAAC CCATT CAGAC5220
AACTGTTCCC CAATCTACCA GCCATCTGCA GGGGTCAGTG ACCGTGGCCC TCTCCCTCCT5280
CTAGAATGTG CCACTTATGA AGAGTGCCCC ATGGGGAAAA GGAGACTCAG CTGTCCCTTG5340
GCAGCTTGTG CCAGTATCCC AGGGCAGAAG TTTCCACAGG AGCCTCTTGC CCTTGCGCAG5400
35 AGCCACTGTG AGAGGCGGTG GGAGCCAACA CCCTTGGGGG AGGGGGCAGT ACTGCTCGGC5460
ACATCCCAGC ATCAGGTCAG ATCACTGAAA TTAATAAATG TGAATTAAGT TCATATCCAC5520
CTTTTGGGGA AGCAGGACAA ACCACCACCC CACCAAGTGT GTGACTTCTC CATATCCCAC5580
TGCAGTTTCC ATTTTTTAA TGGGAATTTT CAATCCCCTG TGCTTGTCTA ACGTCTGCTT5640
TAAAAAGTTT GAGACCCTGT TACTGTTTGA AAATGCATGC ATGTTACGAT GAATCTCCAA5700
40 CCTGAGGAAA AAAATAAAAC TCAAAAAGCT TTGTGTAAAA AAAAAAAAAA AAAAGAATGA5760
GAGGAGAGCA GGGGGCGGG 5779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156:

GCACGCCCTT CGGCCGCGGC CGGGCCGCC GCTCCTTCCT TCCGCTTGCG CTGTGAGCTG 60
AGGCGGTGTA TGTGCGGCAA TAACATGTCA ACCCCGCTGC CCGCCATCGT GCCCGCCGCC 120
15 CGGAAGGCCA CCGCTGCGGT GATTTTCCTG CATGGATTGG GAGATACTGG GCCTGTTAGG 180
CCTGTTACAT TAAATATGAA CGTGGCTATG CCTTCATGGT TTGATATTAT TGGGCTTTCA 240
CCAGATTCAC AGGAGGATGA ATCTGGGATT AAACAGGCAG CAGAAAATAT AAAAGCTTTG 300
ATTGATCAAG AAGTGAAGAA TGGCATTCC TCTAACAGAA TTATTTTGGG AGGGTTTTCT 360
CAGGGAGGAG CTTTATCTTT ATATACTGCC CTTACCACAC AGCAGAACT GGCAGGTGTC 420
20 ACTGCACTCA GTTGCTGGCT TCCACTTCGG GCTTCCTTTC CACAGGGTCC TATCGGTGGT 480
GCTAATAGAG ATATTTCTAT TCTCCAGTGC CACGGGGATT GTGACCCTTT GGTTCCTCTG 540
ATGTTTGGTT CTCTTACGGT GGAAAACTA AAAACATTGG TGAATCCAGC CAATGTGACC 600
TTTAAACCT ATGAAGGTAT GATGCACAGT TCGTGTCAAC AGGAAATGAT GGATGTCAAG 660
CAATTCATTG ATAACTCCT ACCTCCAATT GATTGACGTC ACTAAGAGGC CTTGTGTAGA 720
25 AGTACACCAG CATCATTGTA GTAGAGTGTA AACCTTTTCC CATGCCAGT CTTCAAATTT 780
CTAATGTTTT GCAGTGTTAA AATGTTTTGC AAATACATGC CAATAACACA GATCAAATAA 840
TATCTCCTCA TGAGAAATTT ATGATCTTTT AAGTTTCTAT ACATGTATTC TTATAAGACG 900
ACCCAGGATC TACTATATTA GAATAGATGA AGCAGGTAGC TTCTTTTTTC TCAAATGTAA 960
TTCAGCAAAA TAATACAGTA CTGCCACCAG ATTTTTTATT ACATCATTTG AAAATTAGCA1020
30 GTATGCTTAA TGAAAATTTG TTCAGGTATA AATGAGCAGT TAAGATATAA ACAATTTATG1080
CATGCTGTGA CTTAGTCTAT GGATTTATTC CAAAATTGCT TAGTCACCAT GCAGTGTCTG1140
TATTTTATA TATGTGTTCA TATATACATA ATGATTATAA TACATAATAA GAATGAGGTG1200
GTATTACATT ATTCCTAATA ATAGGGATAA TGCTGTTTAT TGTCAAGAAA AAGTAAATC1260
GTTCTCTTCA ATTAATGGCC CTTTTATTTT GGGACCAGGC TTTTATTTTC CCTGATATTA1320
35 TTTCTATTTA ATACTCTTTT CTCTCAAGAA AAAAAAAAAA GTTTGTTTTT TCTTTATTGT1380
CCTTCATAGC AGGCCAAGTA TTGCCTCTCT GCAATAGACA GCTACTGTCA ATACATGCTG1440
TAATTTGACA TTCTGGGTCA CAGATATAAG GTATTTAAAA TCTATTTATG CTTTATAGAG1500
AAACCAGACA TTAAACTTTC ATGCACTACT TATTTCGAAT TACTGTACCT TATCCAAATT1560
TACACCTAGC TATTAGGATC TTCAACCCAG GTAACAGGAA TAATTCGTG GTTTCATTTT1620
40 TCTGTAAACA ACTGAAAGAA TAATTAGATC ATATTCTAGT ATGTTCTGAA ATATCTTTAA1680
GACTGATCTT AAAAATAAAC TTCTAAGATG ATTTTCATCT CTCATAGTAT AGAGTTTACT1740
TTGTACACGT TTGAAACCAA CTACTGTAGA AGATGAGGAA TCTATTGTAA TTTTTTGCTT1800
TATTTTCATC TGCCAGTGGA CTTATTTGAA ATTTTCACTT TAGTCAAAT ATTTTTTGTA1860
TTAGTTTTTG ATGCAGACAT AAAAATAGCA ATCATTTTAA ATTGTCAAAA TTTCCAGATT1920
45 ACTGGTAAAA ATTATTTGAA AACAACTTA TGGGTAATA AGGCTAGTCA GAACCTATA1980
CCATAAAGTG TAGTTACCAT ACAGATTAAT ATGTAGCAAA AATGTATGCT TGATATTTCT2040
CAACTGTGTT AATTTTCTG CTGTATTCCA GCTGACCAA ACAATATTAA GAATGCATCT2100
TTATAAATGG GTGCTAATTG ATAATGGAAA TAATTTAGTA ATGGACTATA CAGGATGTTA2160
ATAATGAAGC CATATGTTA TGTCTGGATT TAAAAATTTT AAACAATCAT TTACTATGTC2220
50 ATTTTCTTT ACCTTGAAGA ACATAAACTG TTATTTCACT TCTACAAATC AGCAAGATAT2280
TATTTATGGC AAGAAATATT CCATTGAAAT ATTGTGCTGT AACATGGGAA AGTGTAATG2340
TTTTTCATGG TTTCTATCAA TGTGAAATAA AATTTAATTC TGAAAAAAAA AAAAAAAAAA2400
AAAGAGAG 2408

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157:

25	CTGGGCTTTC	ACGCTGCTGT	GCGAGGAAC	GCGCCAGAGC	CTGAGCGGAG	GCTGGGGGCA	60
	GCCTCGCCAG	CGGGGGCCCC	GGGCCTGGCC	ATGCCTCACT	GAGCCAGCGC	CTGCGCCTCT	120
	ACCTCGCCGA	CAGCTGGAAC	CAGTGCAGAC	TAGTGGCTCT	CACCTGCTTC	CTCCTGGGCG	180
	TGGGCTGCCG	GCTGACCCCG	GGTTTGTACC	ACCTGGGGCCG	CACTGTCTTC	TGCATCGACT	240
	TCATGGTTTT	CACGGTGCAG	CTGCTTCACA	TCTTCACGGT	CAACAAACAG	CTGGGGCCCA	300
	AGATCGTCAT	CGTGAGCAAG	ATGATGAAGG	ACGTGTTCTT	CTTCCTCTTC	TTCCTCGGCG	360
30	TGTGGCTGGT	AGCCTATGGC	GTGGCCACGG	AGGGGCTCCT	GAGGCCACGG	GACAGTGACT	420
	TCCCAAGTAT	CCTGCGCCGC	GTCTTCTACC	GTCCCTACCT	GCAGATCTTC	GGGCAGATTC	480
	CCCAGGAGGA	CATGGACGTG	GCCCTCATGG	AGCACAGCAA	CTGCTCGTCG	GAGCCCGGCT	540
	TCTGGGCACA	CCCTCCTGGG	GCCCAGGCGG	GCACCTGCGT	CTCCCAGTAT	GCCAACTGGC	600
	TGGTGGTGCT	GCTCCTEGTC	ATCTTCCTGC	TCGTGGCCAA	CATCCTGCTG	GTCAACTTGC	660
35	TCATTGCCAT	GTTTCACTAC	ACATTCGGCA	AAGTACAGGG	CAACAGCGAT	CTCTACTGGA	720
	AGGCGCAGGT	TACCGCCTCA	TCCGGGAATT	CCACTCTCGG	CCCGCGCTGG	CCCCGCCCTT	780
	TATCGTCATC	TCCCACTTGC	GCCTCCTGCT	CAGGCAATTG	TGCAGGCGAC	CCCGGAGCCC	840
	CCAGCCGTCC	TCCCCGGCCC	TCGAGCATT	CCGGGTTTAC	CTTTCTAAGG	AAGCCGAGCG	900
	GAAGCTGCTA	ACGTGGGAAT	CGGTGCATAA	GGAGAACTTT	CTGCTGGCAC	GCGCTAGGGA	960
40	CAAGCGGGAG	AGCGACTCCG	AGCGTCTGAA	GCGCACGTCC	CAGAAGGTGG	ACTTGGCACT	1020
	GAAACAGCTG	GGACACATCC	GCGAGTACGA	ACAGCGCCTG	AAAGTGCTGG	AGCGGGAGGT	1080
	CCAGCAGTGT	AGCCGCGTCC	TGGGGTGGGT	GGCCGAGGCC	CTGAGCCGCT	CTGCCTTGCT	1140
	GCCCCCAGGT	GGGCCGCCAC	CCCCTGACCT	GCCTGGGTCC	AAAGACTGAG	CCCTGCTGGC	1200
	GGACTTCAAG	GAGAAGCCCC	CACAGGGGAT	TTTGCTCCTA	GAGTAAGGCT	CATCTGGGCC	1260
45	TEGGGEEEGG	CACCTGGTGG	CCTTGTCCTT	GAGGTGAGCC	CCATGTCCAT	CTGGGCCACT	1320
	GTCAGGACCA	CCTTTGGGAG	TGTCATCCTT	ACAAACCACA	GCATGCCCGG	CTCCTCCCAG	1380
	AACCAGTCCC	AGCCTGGGAG	GATCAAGGCC	TGGATCCCAG	GCCGTTATCC	ATCTGGAGGC	1440
	TGCAGGGTCC	TTGGGGTAAC	AGGGACCACA	GACCCCTCAC	CACTCACAGA	TTCCTCACAC	1500
50	TGGGGAAATA	AAGCCATTTT	AGAGGAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAA		1548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2319 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158:

```
AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
25 CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACAC GGTGCAGGCT 240
GCCCTGTCAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
30 GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATAAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
TGNAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
35 TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780
TATTTCGTGA GNAAGNNTTC AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCCTCTT CAAGTGTGTTG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACTTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAAGTCT GGGTTCCGTC GTCCTGTCCA 960
CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTC TCACTGAAAA GTCTGGCTAA 1020
40 TGCTCTTGTT TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT 1080
GACTGTTAAC ACAAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA 1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAGGC TACTTGTATA ATAACCCTTG TCATTTTAA 1200
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG 1260
CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA 1320
45 AGCAGATTAG GNTTTTGTGAC NNAAAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA 1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG 1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA 1500
CAGTGTTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGN 1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GNTAAATNG ACTCACAAA CTGANTTTA 1620
50 AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG 1680
CATTAAGGTT TGACTTGAGT TGGTTCTTAG TATTATTTAT GGTAAATAGG CTCTTACCAC 1740
TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG 1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC 1860
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG 1920
```

CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGAÑCTA1980
CAGGCACACA GTCACCTGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160
5 GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGGTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAATGTT2280
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159:

35 CGAGGACCGG CCTTGCAGAGC GGCGACGACT ATAAATGGC GCGTGCTGCA ACCCGCGCCC 60
GCTTCGGAGA GAGAAATGCT GGGGTGCAGC TTGAAGCTTA GGACCACCCA CCATGCCTAT 120
CCAGGTGCTG AAGGGCCTGA CCATCACTCA TTAAGAACAG AGGAGGCTGC CTGTTACTCC 180
TGGTGTTGCA TCCCTCCAGA CACTCTGCTG TTTCCTGCCT AGGCGTGGCT GCAGCCATGG 240
CTAGGAAAGC GCTGCCACCC ACCCACCTGG GCCAGAGCTG GTTCTGCTCC TGCTGCAGGG 300
40 AACTGAGCT GGCTATCTCG GCGCTTCGGG CAAGAAGTGC AACAGGCTCT CCTGGGTCCT 360
GCAGGTGTAC AGCCGGGCCC CTGCCTTGTC CCTCAGCTCT CGAGAGCTGC TGCTGCCGGG 420
TGACCTGATC CAACCTGATA AGGTGCCATC TTCAGCTACC ACTGCAAGGC CTTGAGGGCA 480
ACAGCAGCAC GGCACCTGCC ACCCGGCTGC TGATGGCCTG GTGCCAGCTG GGAGTCCTCC 540
CGGCACTTCG AGGCCACTGA GCCACCCTTC CAGCCCCAGC CCACCATGGA CAGGGGTATC 600
45 CAGCTTCCTC CTCACCTCG TCCTCTGCCC CTGAGCCAGT GACGCCAAG GACATGCCTG 660
TTACCCAGGT CCTGTACCAG CACTAGCTGG TCAAGGGCAT GACAGTGCTG GAGGCCGTCT 720
TGGAGATCCA GGCCATCACT GGCAGCAGGC TGCTCTCCAT GGTGCCAGGG CCCGCCAGGC 780
CACCAGGCTC ATGCTGGGAC CCAACCCAGT GCACAAGGAC TTGGCTGCTG AGCCACACAC 840
CCAGGAGAAG GTGGATAAGT GGGCTACCAA GGGCTTCCTG CAGGCTAGGG GAGGAGCCAC 900
50 CCCCGCTTCC CTATTGTGAC CAGGCCTATG GGGAGGAGCT GTCCATACGC CACCGTGAGA 960
CCTGGGCCTG GCTCTCAAGG ACAGACACCG CCTGGCCTGG TGCTCCAGGG GTGAAGCAGG 1020
CCAGAATCCT GGGGGAGCTG CTCCTGGTTT GAGCTGCATT CAGGAAGTGC GGGACATGGT 1080
AGGGGAGGCA AAAAGCCTTG GGCACCTACC TCCCTGTGGA GCTGTTCCGT GTCCGTCGAG 1140

CTAGCCACAC CCTGACACCA TGTTCAAGGG TACCGGAAGA GAAGGGTGTC TGCCCCAAC1200
 CTCCCTGTG GGTGTCACTG GCCAGATGTC ATGAGGGAAG CAGGCCTTGT GAGTGGACAC1260
 TGACCATGAG TCCCTGGGGG GAGTGATCCC CCAGGCATCG TGTGCCATGT TGCATTCTG1320
 CCCAGGCAGC AGGGTGGGTG GGTACCATGG GTGCCCACCC CTCCACCACA TGGGGCCCCA1380
 5 AAGCACTGCA GGCCAAGCAG GGCAACCCCA CACCCTTGAC ATAAAAGCAT CTTGAAGCTT1440
 TTAATAAAAAA AAAAAATAA AAAATAA 1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1348 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160:

CGTAACTGCA GGTGTGTGTA GTGCGTTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAGAA TCCCTATACC 60
 35 TCATTTGTAT TTTTAAAATG CGTGATGTTT TATGAAATTG TGTCCATTTT TTAGGTATTA 120
 GATATGGCAG AAAAACCATT TCCACTATGC AAAGTTCTTT TAGACGTCAG TGAAAAATCA 180
 CTCTCATACC TCATGGTCTC TCTTTAATTG ACCAAAACCT TCCATTTTTT TCTAAATACA 240
 AAGCGATCTG TGTTCTGAGC AACCTTTCCC CGAACACACA GCTTCAGTGC AGCACGCTGA 300
 CCTGAGTATC CACCATGTGC CAGGCACAGT GCTGGGCACA CGAGGCACCA AGGTCCGGGC 360
 40 CACCTGCCCC CAGCAAGGCC CAGCTGAGGT GGTGGAGGGA GCCCCTGAGG TCAGGGGCCG 420
 TTTCGGTTCA GGGTGGCAGG TGTCCAGCAC TGGGGTATGG CGTCGAGGCT TCCATGGGGT 480
 GGGGGAGGCC AGCTTCCTTC TGACAGGATG GGCGCATACA GTGCCTGGTG TGATTGTGTC 540
 ACAACCGGTG TTCCAGGTGC ACATCCTCCC AAGGAGACAC CCAGACCCTT CCAGCACGGG 600
 CCGGCCAAGT TGCTGCGGCG GAGGCAGCAT TTCAGCTGTG AGGAAGGTCA TTGGATTCAT 660
 45 GTGTTTTATC TGTAAAAATG GTTGTCTTAA GTTCTTAACC TCATATTGGT AAGTGATTGA 720
 TAAAAATTGG TTGGTGTTC ATGACATGTG GACTTCTTTT GAAATAGCAA GTCAAATGTA 780
 GTGACCAAAT TGTGGAAGAG ATTTCTGTCA AATAGGAAAT GTGTAAGTTC GTCTAAAAGC 840
 TGATGGTTAT GTAAGTTGCT CAGGCACTCA GATGACAGCA GATTCTGGGT TCTGGGAGTG 900
 TTCTGTGCCT CTTACATGCC CTGGAGGCCT CATGGTCTCA GTGCTGAGGC GGCACACCTG 960
 50 TAGCACACCT GCGTAATGTG CGGTCTGGGC CAGTCACAAG GAATTGTGTT GTCTAAGCCA 1020
 AAGGGGAAG CTGACTGTGA TTTACCAAAA AAAATTCTGT AATTCAAACC AAAATGTCTG 1080
 CGGAATCACC AGTTTGATAC TCTCTGTAAT CAGAACAGTG GGCAGTGCCT GGGTGAACGT 1140
 GTCTAGCAGC CACTGTGCGG GATCGCTGTA ACAGGAGTGG AATGTACATA TTTATTTACT 1200

TTTCTAACTG CTCCAACAGC CAAATGCCTT TTTTATGACC ATTGTATTCA GTTCATTACC1260
AAAGAAATGT TTGCACTTTG TAATGATGCC TTTCAGTTCA AATAAATGGG TCACATTTTC1320
AAATGGAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1348

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1290 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161:

30 CCCAACTCCA CCCAGGGATC CTGGTGTACG GGCTGACCTG TTATGCTTTT CTGCCCTTCG 60
GCCCTTTGGG GAGCCACGGC GGGAGGTGGA GATCCACCGG CGATATGTGG CCCAGTCGGT 120
CCAGCTCTTT ATTCTCTACT TCTTCAACCT GGCCGTGCTT TCCACTTACC TGCCCCAGGA 180
TACCCTCAAA CTGCTCCCTC TGCTCACTGG TCTCTTTGCC GTCTCCCGGC TGATCTACTG 240
35 GCTGACCTTT GCCGTGGGCC GCTCCTTCCG AGGCTTCGGC TACGGCCTGA CGTTTCTGCC 300
ACTGCTGTCTG ATGCTGATGT GGAACCTCTA CTACATGTTT GTGGTGGAGC CGGAGCGCAT 360
GCTCACTGCC ACCGAGAGCC GCCTGGACTA CCCGGACCAC GCCCGCTCGG CCTCCGACTA 420
CAGGCCCCGC CCCTGGGGCT GAGCCTCTCC GCCCTCGCCC TCGGAGTAGG GGGTAGCGGC 480
TTGGGTCTGA CACATCTTTG AACCTTGTGG CCAGGCCTGG ACTTCGCCCC CAGGCCTAGG 540
40 ACCGCGGTGG GTGGAACCCT GCTACTGCCC CAACAGGGAC TCCAATCAAT CGGAGTTCTC 600
CCCTTGCCGG AGCTGCCCTT CACCTTTGGG GCCCGAGACA GTCATAAGGG ATGGACTTAG 660
TTTTCTTGCA GGGAAAAAGG TGGACAGCCG TGTTTCTTAA GGATGCTGAG GGCATGGGGC 720
CAGGACCAGG GGAGAGGCAC AGCTCCTTCC TGAGCAGCCT CTCACCACTG CCACAAGGCT 780
CCCTAATGCT GGTCTCTGCT CCACTCCCCG GCTTCCCGTG AGGCAGGAGG CAGAGCCACA 840
45 GCCAAGGCCC TGACCACTTC TGTGCCAGTT GTCTAAGCAG AGCGCCTCAG GGACGCTGGA 900
AATGCCTTAA GGATAGAGGC TGGGCATCAC ATCAAATGGG ACTGTGGTGT TTGGTGAAAA 960
CCTTCCTGAG GATCTGGATT CAGGACCCTC CATGACTGGC CTATTTACTG TTTACAGCTG 1020
GCCAGTGCAG AGCTGCTGCT CTTTTACCTT TTTAGGCCCC TGTAACCTCC CACCTTTAAA 1080
CTGCCCAGAA GGCATGCCTC TCCCACAGGA AGAGGGGAGC AGACAGGGAA ATCTGCCTAC 1140
50 CAAGAGGGGT GTGTGTGTCT TTGTGCCAC ACGTGGTGGC TGGGGAGTGC CTGGATGGTG 1200
CGGTGGTTGA TGTAACTA GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT 1260
GTGTAACAAT AAATTACTAC CAGTCAAAAA 1290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2912 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162:

25

GTCGACCGTG GCCGCTGGCT GGCTGGACAG GCGGGTGTGA GGAGTTGCAG ACCCAAACCC 60
ACGTGCATTT TGGGACAATT GCTTTTTTAAA ACGTTTTTAT GCCAAAAATC CTTTCATTGTG 120
ATTTTCAGAA CCACGTCAGA TATACCAAGT GACTGTCTGT GGGGTTTGAC AACTGTGGAA 180
30 AGGCGAGCAG AAAACTCCGG CGGTCTGAGG CCATGGAGGT GGTGCTGCA TTTGAGAGGG 240
AGTAGGGGGC TAGATGTGGC TCCTAGTGCA AACC GGAAAC CATGGCACCT TCCAGAGCCG 300
TGGTCTCAAG GAGTCAGAGC AGGGCTGGCC CTCAGTAGCT GCAGGGAGCT TTGATGCAAC 360
TTATTTGTAA GAAGGATTTT TAAATTTTTT ATGGGTAGAA TTGTAGTCAG GAAAACAGAA 420
AGGGCTTGAA ATTTAATAAG TGCTGCTGGA AGGGGATATT CCAAGCCGGC AAGAGGATTC 480
35 AGCAGCTGTG GTGGGGAAAC ATTTCTCCTG AAAGACTGAA CGTGTCTTCTT CATGACAGCT 540
GCTCAAAGCA GGTTTCTGAG ATAGCTGACC GAGCTATGGT AAATCTCTTT GTCAAATTAC 600
GAAAACCTCA GGGTGAAATC CTATGCTTCC ATGTACATTA CATGGCTTAA GATTAAACAA 660
AAACATTTTT CAAGTCTCTA ACTAGAGTGA ACTCTAGAGC ACAGTAGTTC AGAACTATT 720
TAGAGCTTCC AGGATATATT TCACAGCTTC AGGCATGTGA TCAGTTAGAG CCGATGAAAC 780
40 CTATGCCCGC CTGTATATAT ATTAGCAGCT TAGCTAGTTC ATAACCTGTA TATTCTAAAG 840
ACTGCTAAGG TTTTGTTTTT ATTTTAAATC CTAGCTGATT GTTGTGGTCA ATGAAATACC 900
CAGTTTCTGG AGGGNCCAGG TGGGAAATGC TTTCACTGGA CCAACACACA AATGATCATC 960
CTGNAGGATC TGAGCTTCCC TANGACTCCA CACAATAACN GTTGGGGCAC CCNTTTTANG 1020
AGAAGACTGT TGAAACCCAC AGCACTCGTT GGGGTATGAG GAAACCAGGG NCTTGGCACA 1080
45 GGAAGTTCCC CTTGTAGCT AAAAGTCCAG AAAGAAAGGG TTCATCTTTT TGAETTECAA 1140
CTGATATTGG GAAGTTTGGT TGAGGTTCAA GTGTGACTCC TTCCAGAGCC ACAGGTAGGG 1200
GAGTGTGAAG TTGAGGGGGA GGAAAGCTGG AAGGACTCTG CCTTGGGAGA TTCCAGCTC 1260
TGCTTTCCAG CGCTTGGTGG NAATCTGGGC TGGGGAAAGA CNGGCACCNG GGAACTCTG 1320
CTTCCCCATT GTTTCCATCT GATCAGCTGT GGTGTGAGGA CTCTCAGAC AAAGGCAAGG 1380
50 CCTCNGTGCC CCTGCCAGC CCATTCATGG AGCCCTGGGC CTTCTTGGCT TCCATAGATC 1440
CTAAGCTCTT GACTGTAGTT TAGCCAGACT TGTTTTGCTA TCTTATNAAG CAGTTCAGAA 1500
TTANGGGAAT GCTGTTTTTG AAGAGCAAAG GACAGGTAGT CTAGNAGAGG GNTCGTCTGG 1560
NCCTGCTTGC TGGGNTCNNT TTGTAACCCA GCACTTCNT CTTGCCCTCC TGGCTTTATG 1620

TTTATNNGGG AGAGGACTCA ATNAGCTCCA CCCCTTCTTG GCACCAGATG GGGCTTTGGT1680
TAGTTTNGCA ATAAGCACCT TGCAGANGGN TTAAAGCCAG CGGGTCCCNT AGTCTTNNAG1740
GCCCAGCCTG CTGTGTGTGG GCTCTGGCCT GGCCTGGTGG CTGGCCCAGG GCGGAGCAAG1800
TGCTTAGAGC TTCTGCAGGG CTTCTCTTGT TTACACAGCT GCATCAGACA ATGCCATTTTC1860
5 TCCCCACCAC GGAACCTTCC ATCTAAGATT TCTTCCANGG GAATGCCAGC AATCAGGCAG1920
CACCCAGCTG TGGGGGCAGT GGGGTGGGGG AGACCCACAT TGATGACTTT TTTTTTTTCT1980
TTTAATGAAG AAACACCAA GAAAGCTGTG GAAAGGACCT GCCCCACATG AAAAGGATAA2040
GCCAAGATGG CTGTAAACAC AGAGCATTTG AGCTGCCACT CTTGGAGCAC ATTGATTTTT2100
CAAAAGCCAG CTCTGTCAGG AAAGGAGGTG CTGTTATGAG CAGCTCTTCC AGTGGGNCAA2160
10 AGAGGACGCC CATNAATTTT TCCATTGCT AGCTCATCTG TGGGGACCAA TTTGGTGTTA2220
AGCAACCTGT GGCCTGCACT TGTGGCCTCG AAGGAAGCAC AAACCCTCCA TCCACTTCCC2280
ATTTCTCTG CCTTTTCCA CCTCCCCCTT CCATCCCACC AGCTGCCNAG TGGCTNCCCA2340
GAAAGCCTTA TTGAGCCCCT GTTTGACACT TGGGGCTGCG GNAGGCCTCT CCCNTACTGG2400
TCTGGCCTTT CCTGAGAGGC AGGTCTTCCG TCCTCAGAGC CTTTCTGGAA CAAGGAGAAT2460
15 GCCTGTGNNC AGGTGGNNAC ACNACNAGG CTGGCCTGTN CGCTNCTCNA CTTGTCTTNC2520
CAGCGGGGAN GCTTNCACGT TGCCNAGTG GAANGAANCC ATGACCNNTC CACTTNGCTT2580
NCCAAGGNTG NCTAGGGAAG TTTCAGGGTA CGCTGGNTTC CCCTCNTCCA GCTGGANGGC2640
CGAGTTTCTG GGGNACNTGC AGATTTTNC TACTCTGTGA NTCGATTCAA TGCCCGATGC2700
TTCTGTTTNC ATTCCCGACC CTTTCTACTA TGCATTTTCC TTTTATCAGG TGTATAAAGT2760
20 TAAATACTGT GTATTTATCA CTAAAAAGTA CATGAACCTA AGAGACAAC AAGCCTTTTCG2820
TGTTTTTCCA CAGGTGTTTA AGCTTCTCTG TACAGTTGAA ATAAACAGAC AGCAAAATGG2880
TGCCAANAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 2912

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 850 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs.

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

50

CCGTGTTGTA CGGCGGACTT CTCGCGCAGT GAATGACCTG GAAGTGATGC CTAAAGCTGT 60
GGACGCGCG GGATCGCCTC CCTGGGACTA GGTTTCAGCG GCCGCTGCGA TGACCAAAAT120
AAAGGCAGAT CCCGACGGGC CCGAGGCTCA GGCGGAGGCG TGTTCCGGGG AGCGCACCTA180
CCAGGAGCTG CTGGTCAACC AGAACCCCAT CGCGCAGCCC TGGCTTCTCG CCGCCTCACG240

CGGAAGCTCT ACAAATGCAT CAAGAAAGCG GTGAAGCAGA AGCAGATTCTG GCGCGGGGTG 300
AAAGAGGTTT AGAAATTTGT CAACAAAGGA GAAAAAGGGA TCATGGTTTTT GGCAGGAGAC 360
ACACTGCCCA TTGAGGTATA CTGCCATCTC CCAGTCATGT GTGAGGACCG AAATTTGCCC 420
TATGTCTATA TCCCCTCTAA GACGGACCTG GGTGCAGCCG CAGGTCCAAG CGCCCCACCT 480
5 GTGTGATAAT GGTCAAGCCC CATGAGGAGT ACCAGGAGGC TTACGATGAG TGCCTGGAGG 540
AGGTGCAGTC CCTGCCCCCTA CCCCTATGAG GGGCTCCGGT AGCACCTGGG CACCTGCCGC 600
TGGGAAGCTAT TGGGCTGGCA GCAGGACGAC TGGCTGTCCT CCTGCCACC CACACTGACG 660
GCATCTTCCC AGTTCCCCAA GGCACGCCTT CTTCCCAGGC AGCTCTAACA GCCCTTTCAT 720
GAAGGTAATG CTAGTCTTCT GTCCATCAGT GCCATTTCTT GTAGAACTAA AGGCTGTTCC 780
10 AAGAATGTGG GGTGGGAAA GTAAATGCTA AGACTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 840
AAAAAAAAA 850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2223 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164:

GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG GCGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
40 CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC 120
GGTGTGGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCGGGTA GGCCTCTGCG CTCGGTTTGA 180
GGGCTCGGCG CGGGGTTTCC TGTTCCTTCT TCTGCGCGGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC 240
TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT 300
GCTGGAAAAG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT 360
45 TGAGACAGAA ATCAAGAACA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA 420
TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATACGG TGAAAAATCAG 480
TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT 540
TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTTACA GAGAGGTCAT TTGATCTTTT 600
GGTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACAATCTCT TGAAACCCAT 660
50 CTCTGTGGAA GGCAGTTCAA AAAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA 720
GAAAGTGGAA AACACAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA 780
AGAGAAGCCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA 840
GAAAATTTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAACC ATTAATAAAG CCTGGGTGGA 900

5 ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTTGA GACTTTTAAAG TCGTTTTGGG 960
AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT1020
ATATAAATTT GACAGATAGC TATTTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCCTCA1080
TTTTCTACTG GAGGATTTAT TTAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG1140
TTTTATTAGT ACCCTGGTCA TTTTGTTCAC GGAAGGGTTA TATTGCATTG TCACGTGAAA1200
TATAAAAAGC AAGTCTTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTTT TGTTCAGCTA1260
AGAATTGGAA AAGTATTTGC TTGCCTTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTA1320
AAATTGAGTA AAACCTGAAG TTTTGCATAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGTT1380
GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACCAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA1440
10 TGCACATAATT CAATCACAGG TGTTTCTATC TAGATTTTAA TATATTTGTC AATGAATGTG1500
GAATAGAAAA TCTAAACATG ACAATAATAG ACATATCTTT GTATGGTACC AGTTAGTTTT1560
GCCGTGGATC AGATGGTTTA TAAAAGTAAT AACCATAAAG CAAAAAATAA TTTGAAAGCC1620
CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTTCTTCAT TAGAACAGTT TTATGATTTA1680
TTTGTCTAGG AGTATGTCAG AAAAATCAGG CTTTGTAGTAG GAATTACTCC TATTCCCCCT1740
15 GAAGTCAGGA CCAGTGCCTG TGATCTCCAT TACTTTATTT TCCTGGAGGT ATTAGCCAAC1800
ACAGTTAGAT CAGAGAAAGC AATTGAAGCC AGGCATGAAG TGGCGCCCCG AATCCCAGCT1860
ACTAAGGCTG GAGGATCACT TCAGCCCAGG AGTTTAAGGC TGCAGTGAGC TATGATGATG1920
CCACTGTACT GCAGCTTGGG TAACAGATTG AGAACCTGTC TCATTAAAAA AAAAAAAAAA1980
AAAAAAGCCG TTAGACACAC AGGAAAAATC CAGAAGGGTA AACTAAACTA AAGTCCAATT2040
20 AATATGGGAA TTTGGAAGAA GTGGTAGGAT TTAAAATACA GAACCAGTTT ATGTTAGGAT2100
AGTATAAGTA AATCTGAACA CATTATGGCC TCTGTAATTG GGGTTGCACA TGACAGATGG2160
CAGCACAATC ATTGAAAGTT CAGATATGGT AAAGTGGGTA GATGGTTTTA TGTCTAGTAC2220
TGA 2223

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 547 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

45 QDFIGGEPTP GRYCHGGFGV LLSRMLLQQL RPHLEGCRND IVSARPDEWL GRCILDATGV 60
GCTGDHEGVH YSHLELSPGE PVQEGDPHFR SALTAHPVRD PVHMYQLHKA FARAELETTY 120
QEIQELQWEI QNTSHLAVDG DRAAAWPVGI PAPSRPASRF EVLRWDYFTE QHAFSCADGS 180
PRCPLRGADR ADVADVLGTA LEELNRRYHP ALRLKQQLV NGYRRFDPAR GMEYTLDLQL 240
EALTPQGRR PLTRRVQLLR PLSRVEILPV PYVTEASRLT VLLPLAAAER DLAPGFLEAF 300
ATAALEPGDA AAALTL LLY EPRQAQRVAH ADVFAPVKAH VAELERRFPG ARVPWLSVQT 360
50 AAPSPRLMD LLSKKHPLDT LFLLAGPDTV LTPDFLNRCR MHAISGWQAF FPMHFQAFHP 420
AVAPPQPGP PELGRDTGRF DRQAASEACF YNSDYVAARG RLAAASEQEE ELLESLDVYE 480
LFLHFSSLHV LRAVEPALLO RYRAQTCSAR LSEDLYHRCL QSVLEGLGSR TQLAMLLFEQ 540
EQGNST* 547

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

20	TAAACMPSPA	GRPSFPCISK	PSTQLWPHHK	GLGPQSWAVT	LAALIARQPA	RPASTTPTTW	60
	QPVGAWRQPQ	NKKRSCWRAW	MCTSCSSTSP	VCMCCGRWSR	RCCSATGPRR	AARGSVRTCT	120
	TAASRACLRA	SAPEPSWPCY	SLNRSRATAP	DPTLSPWAVA	WPHPTPLLPQ	NQSHLPASLG	180
	RAGRSQTSPW	PTGPLSGSVG	PWALDKHWGT	CPQSHPLLIP	NPVSLPPDAA	DSGCGLHVM	240
	QYSLPDASPA	SGPWGLGCRR	VVGEGGS*				268

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

45	MKRQLGRLLL	LRRVLDPLLC	DFLDSQDSGS	LCFCFRWLLI	WFKREFPPFD	VLRLWEVLWT	60
	GLPGPNLHLL	VACAILDMER	DTLMLSGFGS	NEILKHINEL	TMKLSVEDVL	TRAEALHRQL	120
	TACAEGPTTC	RRSGVGRP					138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

15	RHWGAGVDR	NYEDHCFSGH	ATMHAENLWP	GRLSSVQQIL	QLSDLWRRLTL	QKRGCKGLVK	60
	VGAPGILQGM	VLSFGGLQFT	ENHLQFQADP	DVLHNSYALH	GIRYKNDHIN	LAVLADAEGK	120
	PYLHVSVESR	GQPVKIYACK	AGCLDEPVEL	TSAPTGHTFS	VMVTQPITPL	LYISTDLTHL	180
	QDLRHTLHLK	AILAHDEHMA	QQDPGLPFLF	WFSVASLITL	FHLFLFKLIY	NEYCGPGAKP	240
	LFRSKEDPSV	*					251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

40	PVEADPPEAW	LQGAGEGGCP	RHPAGDGAQL	WGAAVHREPP	PVPGRPRRAA	QQLCIAWHPL	60
	QERPYPQGRA	GGCRGQALPT	RVRGVPWPAC	QDLCLQGRLP	GRASGADLGA	HGPHLLGHGD	120
	TAHHATALHL	HRPHTPAGPA	AHAAPQGHGP	P*			152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 315 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

10 VIFYLYNKVY LHGSFDFDPS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR 120
VPWLSVQTAA PSPLRLMDLL SKKHPLDTLF LLAGPDTVLT PDLNRCRMH AISGWQAFFP 180
MHFQAFHPAV APPQGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL 240
15 LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCSARLS EDLYHRCLQS VLEGLGSRTQ 300
LAMLLFEQEQ GNST* 315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear.

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

35 TAAACMPSPA GRPSFPCISK PSTQLWPHHK GLGPQSWAVT LAALIARQPA RPASTTPTTW 60
QPVGAWRQPQ NKKRSCRAW MCTSCSSTSP VCMCCGRWSR RCCSATGPRR AARGSVRTCT 120
TAASRACLRA SAPEPSWPCY SLNRSRATAP DPTLSPWAVA WPHPTPLLPO NQSHLPASLG 180
RAGRSQTPSW PTGPLSGSVG PWALDKHWGT CPQSHPLLIP NPVSLPPDAA DSGCGLHVM 240
40 QYSLPDASPA SGPWGLGCRR VVGEGGS* 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

45 (A) LÄNGE: 259 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

10	YDPIGFGLSW	EAGRIIGWVK	PTRGRGRGGS	LSTRGRGSEV	PDSAHLAPTP	LFSESGCCGL	60
	RSRFLTDCKM	EEGNNLGGGL	KMVHLLVLSG	AWGMQMWVTF	VSGFLLFRSL	PRHTFGLVQS	120
	KLFPFYFHIS	MGCAFINLCI	LASQHAWAQL	TFWEASQLYL	LFLSLTLATV	NARWLEPRTT	180
	AAMWALQTVE	KERGLGGEVP	GSHQGPDPYR	QLREKDPKYS	ALRQNFFRYH	GLSSLCNLGC	240
	VLSNGLCLAG	LALEIRSL*					259

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

35	DGPSTGLVRC	LGHANVGDLR	LRLPAFFPKPS	PTYLR TSAEQ	TLPLLLPHLH	GLCLHQPLHL	60
	GFTACLGSAH	ILGGQPALPA	VPEPYAGHCQ	RPLAGTPHHS	CHVG PANRGE	GARPGWGGTR	120
	QPPGSRSLPP	AAREGPQVQC	SPPEFLPLPW	AVLSLQSGLR	PEQWALS RWP	CPGNKEPLAW	180
	ALHANKCFER	KKKKKKRGER	KRKRREE				207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

40

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

5 ISFLEQGNLV IVLSLPRIHP YLENWGLKAI RIHQFKNTYV HLISNTNYPE ETKIDQIYSS 60
K* 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

10 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

25 CLPQYWKCHE FSIRRTLLLV HFKVIPVIVA KESTQWEMEE KCRESKQLVF SFITEVL* 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

30 (A) LÄNGE: 252 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

45 AWGPAPAGTA LRAGLGVGRA EPHGALRAAP AWASLADFDW VWDDLNKSSA TLLSCDNRKV 60
SFHMEYSCGT AAIRGTKELG EGQHFWEIKM TSPVYGTMM VGIGTSDVDL DKYRHTFCSL 120
LGRDEDSWGL SYTGLLHHKG DKTSFSSRFG QGSIIGVHLD TWHGTLTFFK NRKCIGVAAT 180
50 KLQNKRFYPM VCSTAARSSM KVTRSCASAT SLQYLCCHRL RQCGQTRETR WRVCRARRAS 240
SRCYTTSWAG S* 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- 5 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

20 GPAAADPPA CLPSLAALAQ AVAAQVLEGS GAGTGAGDLH AAPGRRGAHH RVESLVLQLG 60
GCHTYTLPVL EKGECAVPGV QVHANDGALA EPRREAGLVA LVVEEARVGE APAVLIPAQQ 120
AAERVAVFVQ VHIRRPDAHH HVGAVDGRGH LDLPEVLALP QLLGAPDGRC AA AVLHVEAD 180
LTVVTAQQGG * 191

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

45 LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60
EVEAAEARSP APGYKRSGRR YKCLSCTKTF PNAPRGARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE 120
TEAKAEEASG EKVSASGAKP RPYRCPLCPK AYKTAPDVRS HRRSHTGEKP FPCPECGR 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

15	REVSCKCWTE	GGRWDEPHSP	LLKNDHLQDS	VIPGGQALPA	LGHTWLRHPW	SQCLGWRRPV	60
	LAARCGALES	SPISFLATPV	QRPLQPHSAP	TYLGTPAGAR	EYQGGRAQRD	QGKPLAWRVW	120
	GTLPQGRTRQ	EEAQELGPAA	QELGPATQAG	LGTWQGLGIL	TLDLGD LGGT	GRGEMGGPAP	180
	AQCRPHPCTE	APPCHAPRRL	PELTGG				206

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

40	ELDG MEDGGQ	REERKRNAKC	GQPPRVKIEG	SVMQVLD RRR	QVGRAPQPPP	QKRPPPGLSD	60
	PWGAGSASPR	PHVAPAPMVP	VPWMETASSG	GQMWCSGIQS	HFLPGHACPA	ASSAAFSPYL	120
	PGDPGWGTRV	PGG*					134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

10 RMKCSQPPRC HFQSDFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF 120
SLWAHQDAPR RACARVPT* 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

15

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW 120
QPCPLGKVIS DL 132

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

5 GQDSPTGKSN ILVFKLGGTS LSLSVMEVNS GIYRVLSTNT DDNIGGAHFT ETLAQYLASE 60
FQRSFKHDVR GNARAMMKLT NSAEVAKHSL STLGSANCFL DSYEGQDFD CNVSRARFEL 120
LCSPLFNKCI EAIRGLLDQN GFTADDINKV VLCGGSSRIP KLQQLIKDLF PAVELLNSIP 180
PDEVIPIGAA IEAGILIGKE NLLVEDSLMI ECSARDILVK GVDESGASRF TVLFPSGTPL 240
PARRQHTLQA PGSISSVCLE LYESDGKNSA KEETKFAQVV LQDLDDKKENG LRDILAVLTM 300
10 KRDGSLHVTC TDQETGKCEA ISIEIAS* 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 417 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

30 MSSNCTSTTA VAVAPLSASK TKTKKKHFVC QKVKLFRASE PILSVLMWGV NHTINELSNV 60
PVPVMLMPDD FKAYSKI KVD NHLFNKENLP SRFKFKEYCP MVFRNLRRERF GIDDQDYQNS 120
VTRSAPINSD SQGRCGTRFL TTYDRRFVIK TVSSEDVAEM HNILKKYHQF IVECHGNTLL 180
PQFLGMYRLT VDGVEYTMV TRNVFVSHRLT VHRKYDLKGS TVAREASDKE KAKDLPTFKD 240
NDFLNEGQKL HVGEESKKNF LEKLKRDVEF LAQLKIMDYS LLVGIHDVDR AEQEEMEVEE 300
RAEDEECEND GVGGNLLCSY GTPPDSPGNL LSFPRFFGPG EFDPSVDVYA MKSHESSPKK 360
35 EVYFMAIIDI LTPYDTKKKA AHAAKTVKHG AGAEISTVNP EQYSKRFEF MSNILT* 417

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

5 MCGNNMSTPL PAIVPAARKA TAAVIFLHGL GDTGPVRPVT LNMNVAMPSW FDIIGLSPDS 60
QEDESGIKQA AENIKALIDQ EVKNGIPSNR IILGGFSQGG ALSLYTALTQ QKLAGVTAL 120
SCWLPLRASQ PQGPIGGANR DISILQCHGD CDPLVPLMFG SLTVEKLKTL VNPANVTFTK 180
YEGMMHSSCQ QEMMDVKQFI DKLLPPID* 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

10

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

LPKYPAPRLL PSLPADLRAD SPGGHGRGPH GAQQLLVGAR LLGTPSWGPG GHLRLPVCQL 60
AGGAAPRHLF ARGQHPAGQL AHCHVQLHIR QSTGQQRSL EGAGYRLIRE FHSRPALAPP 120
FIVISHLRL LRQLCRRPRS PQSSPALEH FRVYLSKEAE RKLLTWESVH KENFLLARAR 180
30 DKRESDSERL KRTSQKVDLA LKQLGHIREY EQRLKVLERE VQCSRVLGW VAEALSRSAL 240
LPPGGPPPPD LPGSKD* 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

35

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AEAGGSLASG GPGPGHASLS QRLRLYLADS WNQCDLVALT CFLLGVGCRL TPGLYHLGRT 60

VLCIDFMVFT VRLLIHFTVN KQLGPKIVIV SKMMKDVFFF LFFLGVLVA YGVATEGLLR 120
PRDSDFPSIL RRVFYRPLYQ IFGQIPQEDM DVALMEHSNC SSEPGFWAHP PGAQAGTCVS 180
QYANWLVLVLL LVIFLLVANI LLVNLLIAMF SYTFGKVQGN SDLYWKAQVT ASSGNSTLGP 240
RWPRPLSSSP TCASCSGNCA GDPGAPSRPP RPSSISGFTF LRKPSGSC* 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

IYGVSFLLIFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQPAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA 120
ACPSEALLSP PGSHGWFFLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ* 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPKX 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQSDID VXRIYTVXRN XXXXFXKNRN 120
TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM * 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL 120
V* 122

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: -118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
PRWVGGS AFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS* 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

10 NTNQFLSITY QYEVKKLRQP FLQIKHMNPM TFLTAEMPLPP PQQLGRPVLE GSGCLLGRMC 60
TWNTGCAQIT PGTVCAHPVR RKLASPTPWK PRRHTPVLDI CHPEPKRPLT SGAPSTTSAG 120
PCCGQVARTL VPRVPSTVPG TWWILRSACC TEAVCSGKGC SEHRSLCI* 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

15

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS 120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTYSW* 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

5 AWGRSPGLAT RFKDVSDPSR YPLLRRGRGR GSAPGAGPVV GGRAGVVRVV QAALGGSEHA 60
LRLHHEHVVE VPHQHRQQWQ KRQAVAEASE GAAHGKGQPV DQPGDGKETS EQREQFEGIL 120
QQVSGKHGQV EEVENKELDR LGHISPVDLH LPPWLPKGP GRKA* 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

25 PVMLFCPSAL WGATAGGGDP PAICGPVGPA LYSLLLQPGR AFHLPAPGYT QTAPSAHWSL 60
CRLPADLLAD LCRGPILLRL RLRPDVSATA VDADVEPLLH VRGGAGAAHAH CHREPPGLPG 120
PRPLGLRLQA PPLGLSLSAL ALGVGGSGLG LTHL* 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

50 XXLXSXVXXS WXXSTXATXK XPRWXDKXXS XQARPXXVXT XXQAFSLFQK GSEDGRPASQ 60
ERPDQXGRGL PQPQVSTRGS IRLSGXPLGS WWDGRGRWKR AEEMGSGWRV CASFEATSAG 120
HRLNTKLVP TDELAMEEIX GRPLXPTGRA AHNSTSFDR AGF* 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
ATCGLHLWPR RKHKPSIHFP FPLPFSTSPF HPTSCXVAXQ KALLSPLLTL GAAXGLSXTG 60
LAFPERQVFR PQSLSGTIRM PVXRWXHXXA WPVRXSTCLX SGXAXTLPEW XEXMTXPLXX 120
PRXXREVSOGY AGFPSSSWXA EFLGXXQIFX TL* 153
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
SCGPRGIASL GLGFSGRCDD QNKGRSRRAR GSGGGVFRGA HLPGAAGQPE PHRAALASRR 60
LTRKLYKCIK KAVKQKQIRR GVKEVQKFVN KGEKGIMVLA GDTLPIEVYC HLPVMCEDRN 120
LPYVYIPSKT DLGAAAGPSA PPV* 144
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

MASEELQKDL	EEVKVLEKA	TRKRVRDALT	AEKSKIETEI	KNKMQQKSQK	KAELLDNEKP	60
AAVVAPITTG	YTVKISNYGW	DQSDKFVKIY	ITLTGVHQVP	TENVQVHFTE	RSFDLLVKNL	120
NGKSYSMIYN	NLLKPISVEG	SSKKVKTDTV	LILCRKKVEN	TRWDYLTQVE	KECKEKEKPS	180
YDTETDPSEG	LMNVLKKIYE	DGDDDMKRTI	NKAWVESREK	QAKGDTEF*		229

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 5 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 10 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 15 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 20 22. Ein Protein gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.
- 25 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 30 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 40 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
- 45 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 in sense oder antisense Form.
- 5 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 10 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 15 31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 20 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 25 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 30 34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.
- 35 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
-

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

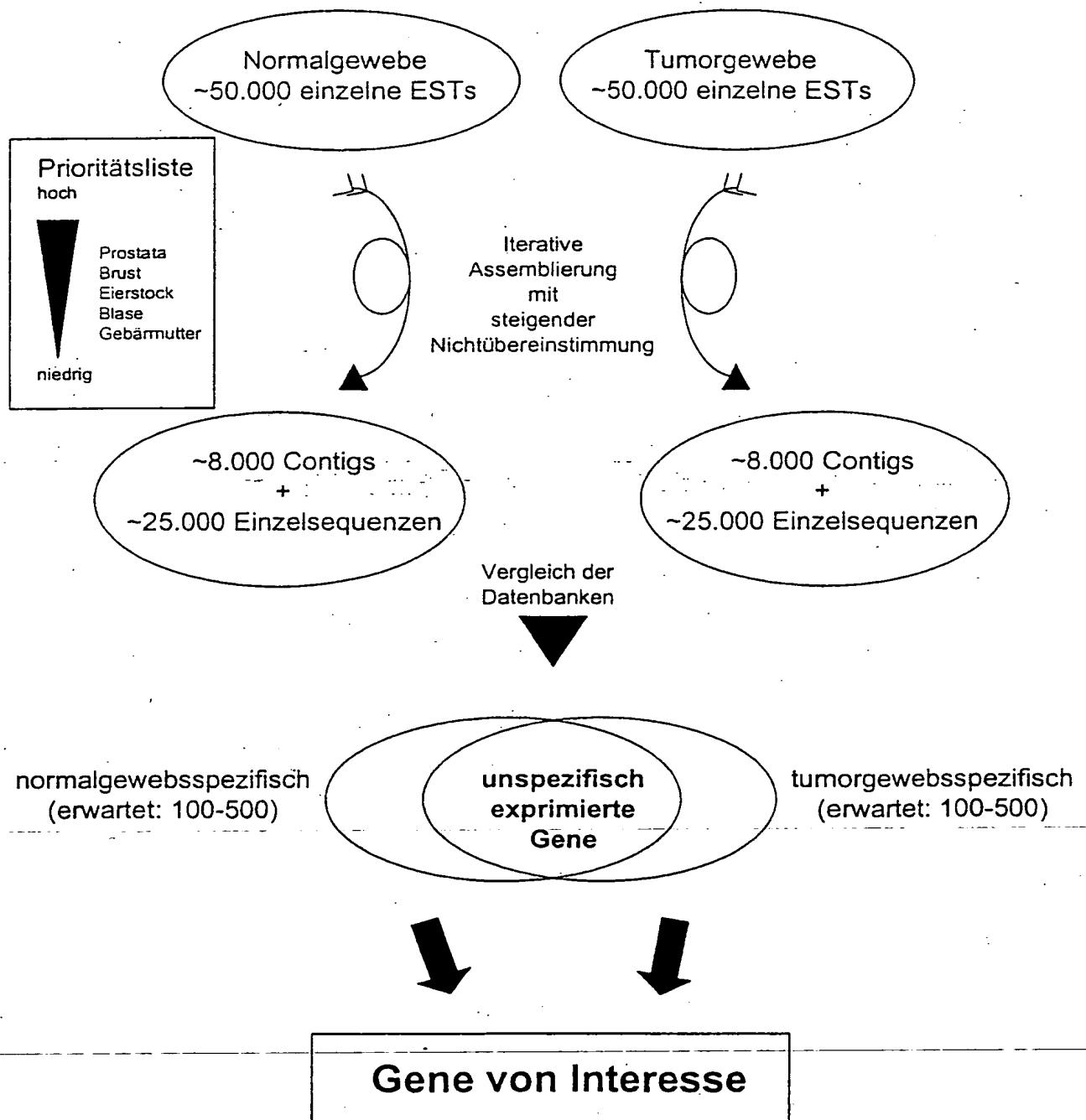


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

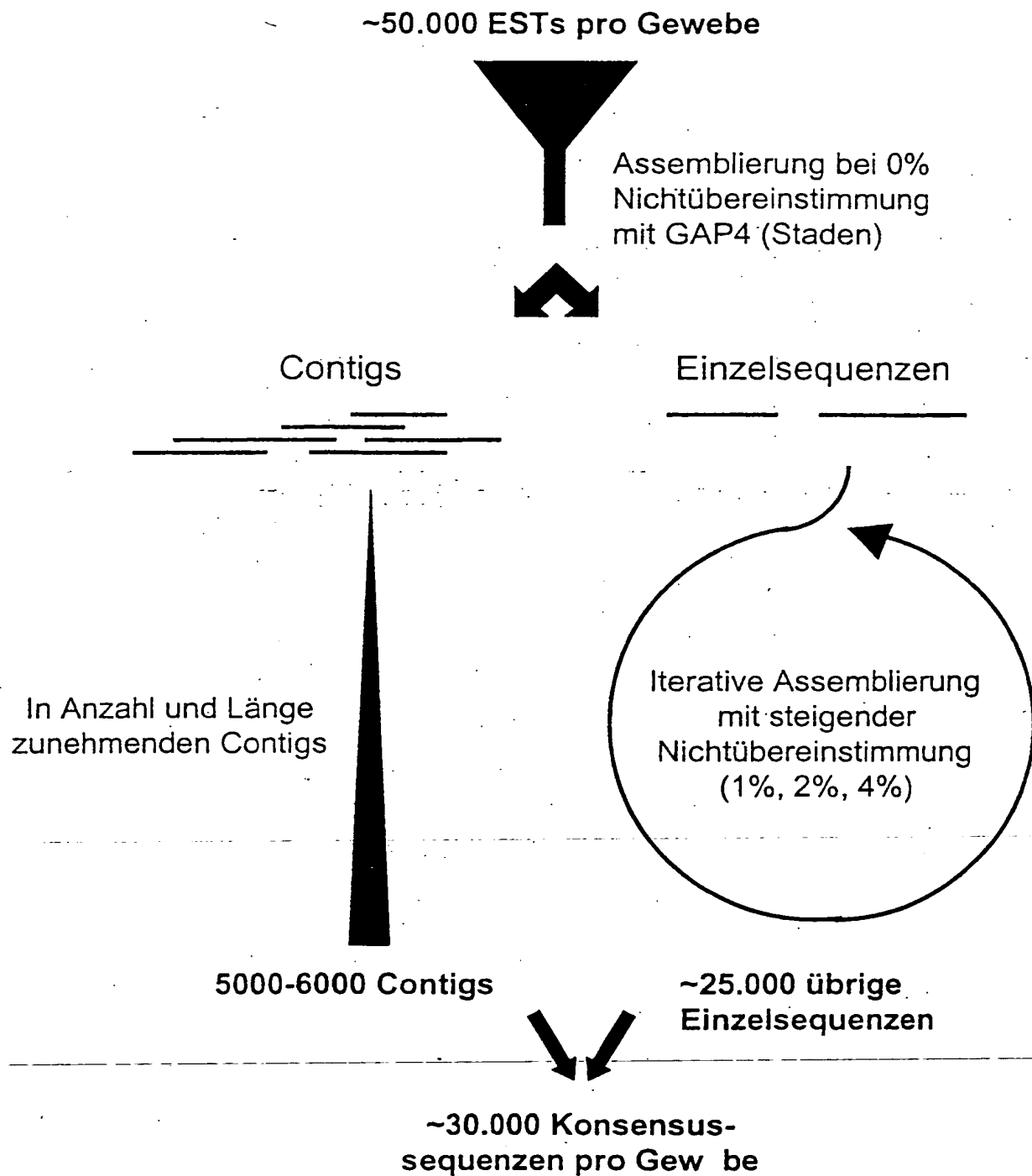


Fig. 2a

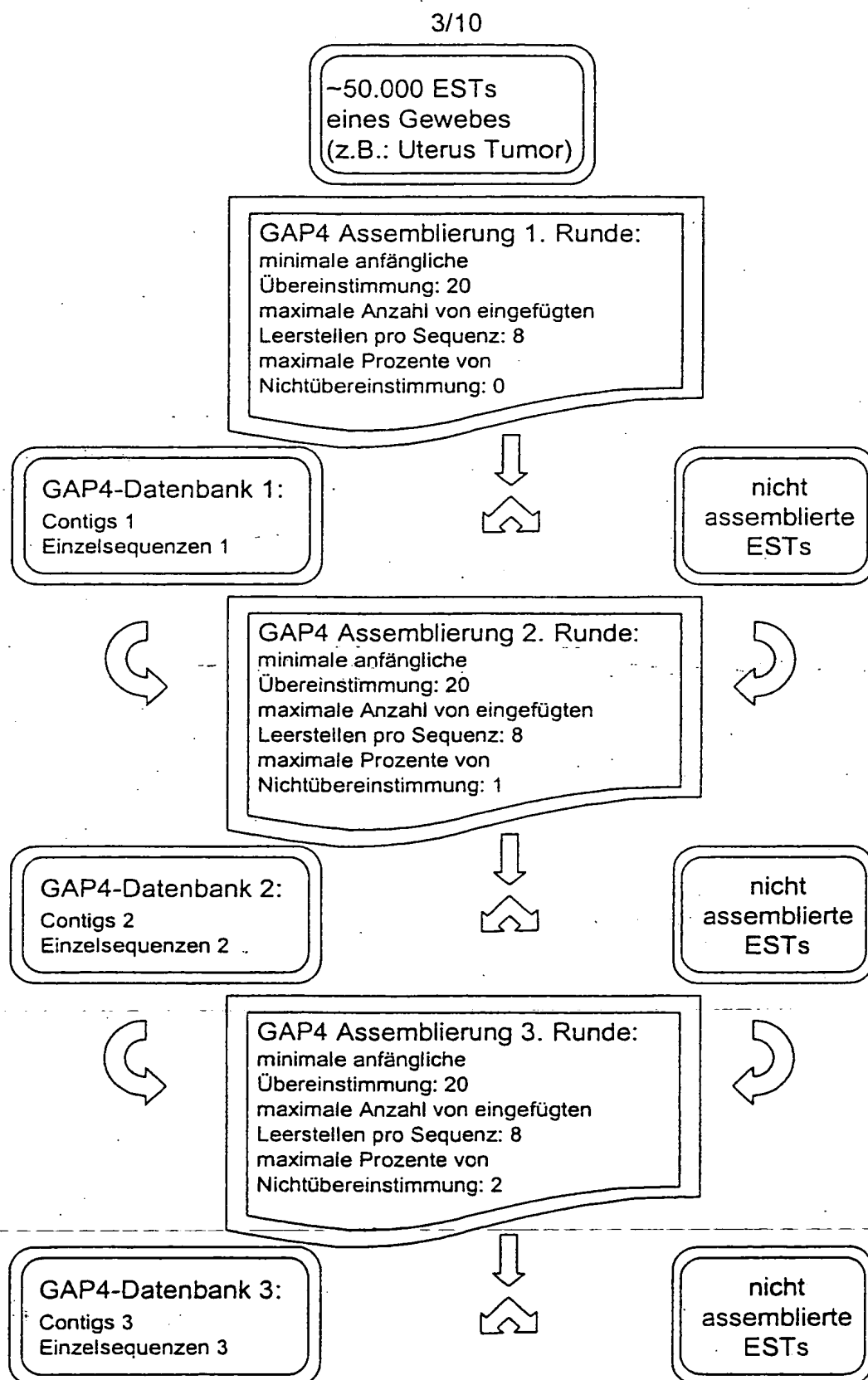


Fig. 2b1

4/10

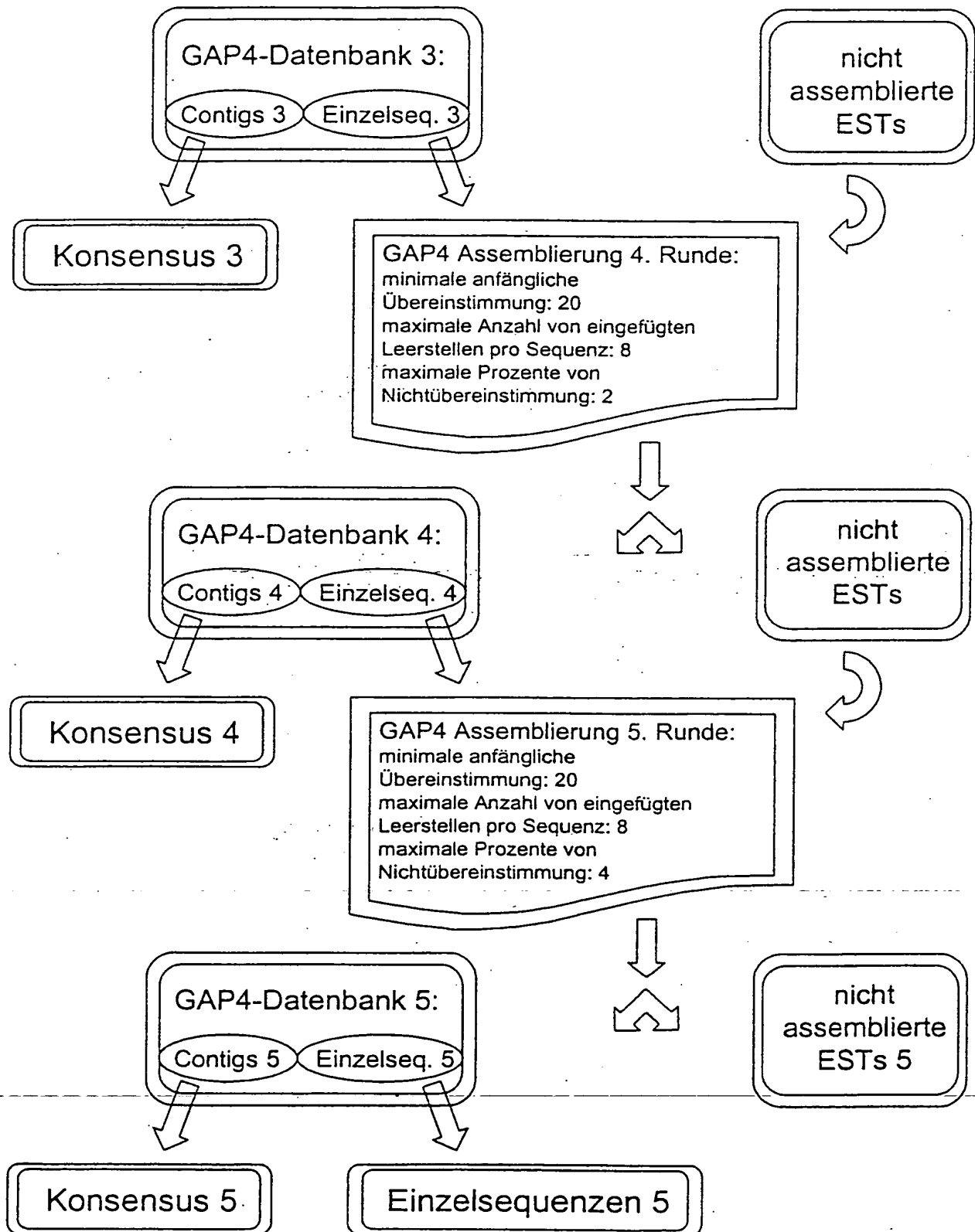


Fig. 2b2

5/10

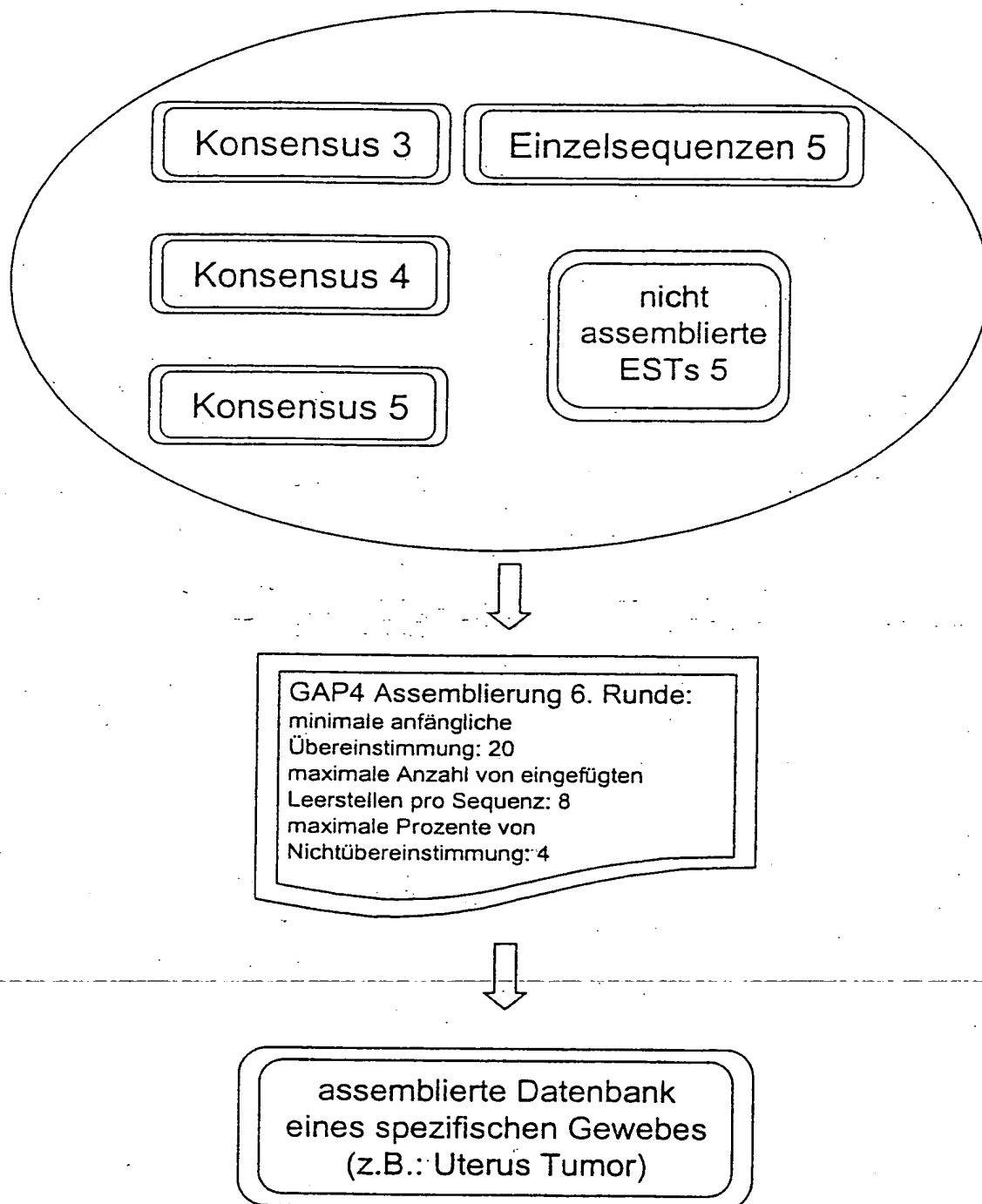


Fig. 2b3

6/10

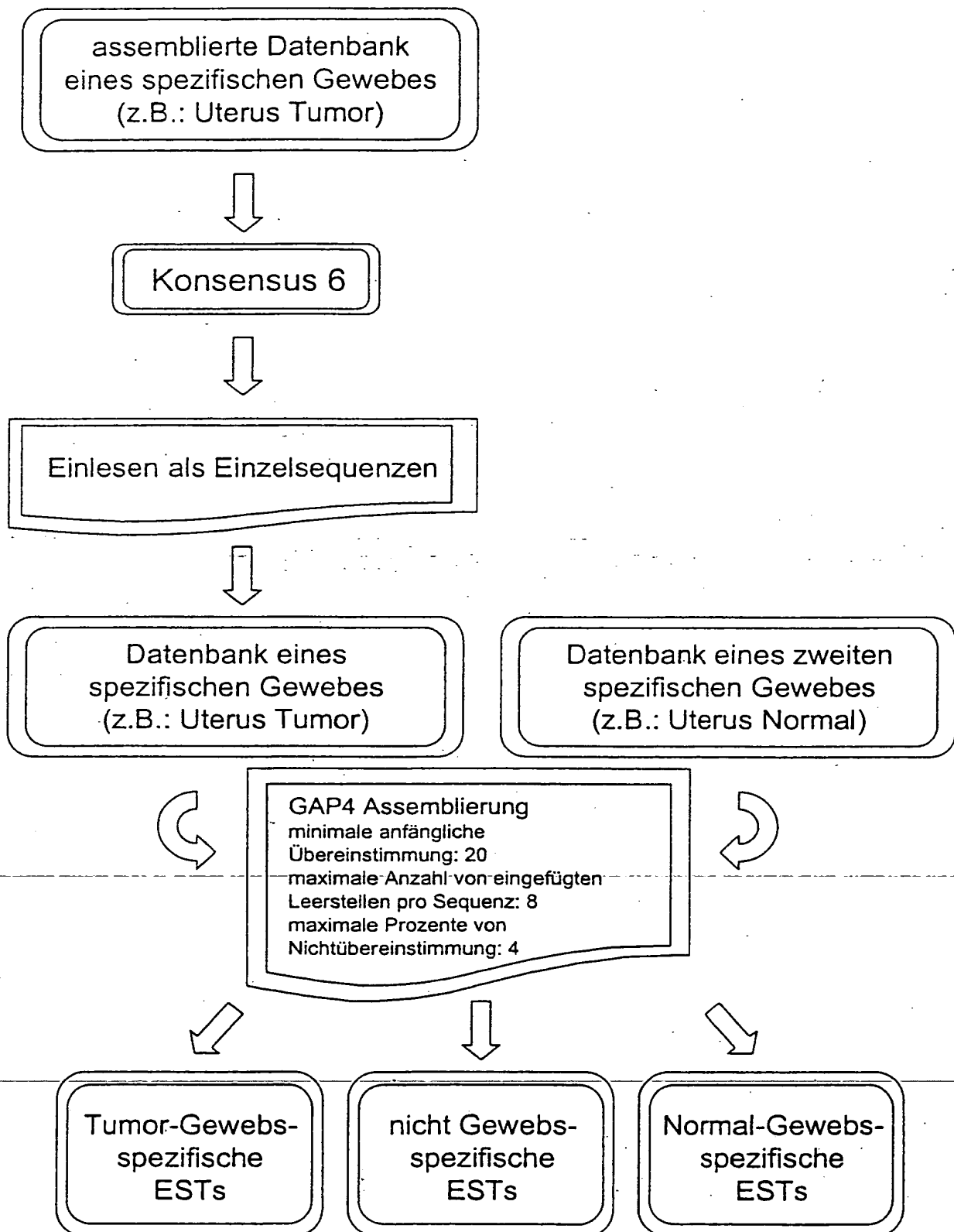


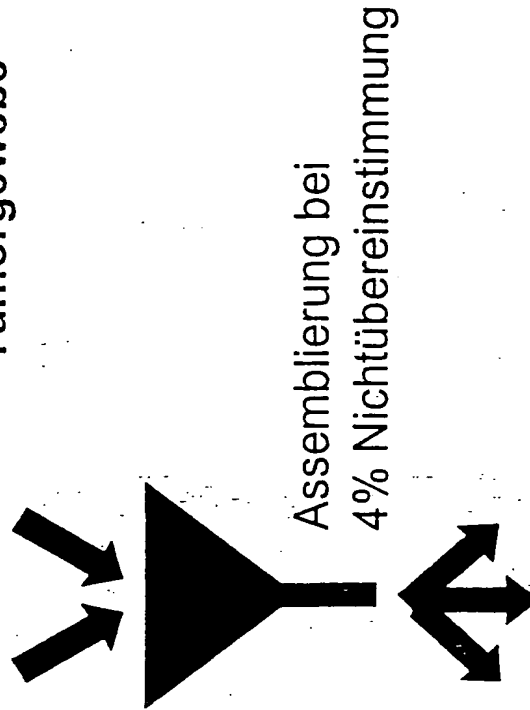
Fig. 2b4

7/10

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe



Normalgewebe
Spezifische Gene

Krebsgewebe
Spezifische Gene

In beiden Geweben
exprimierte Gene

Fig. 3

8/10

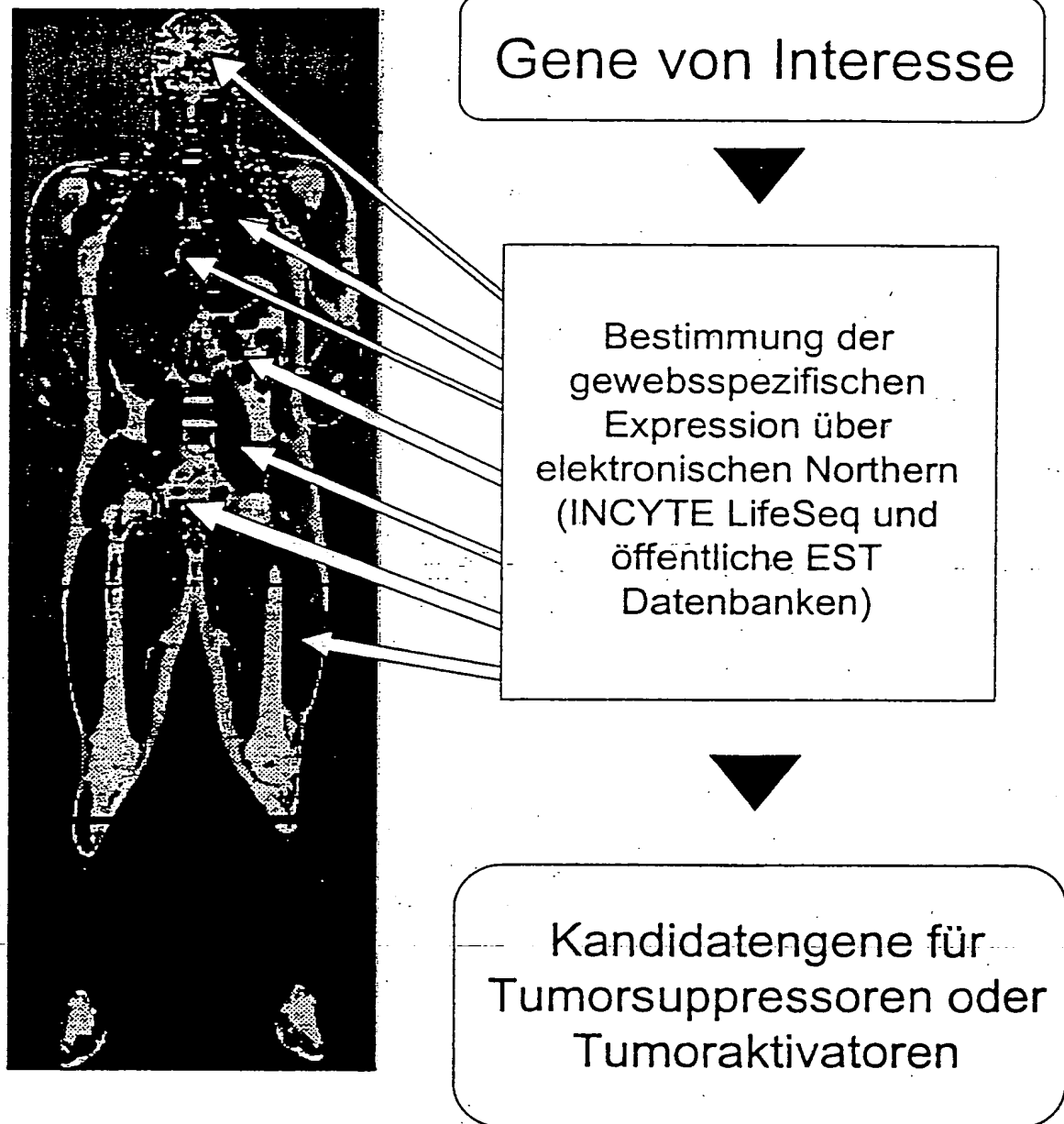


Fig. 4a

9/10

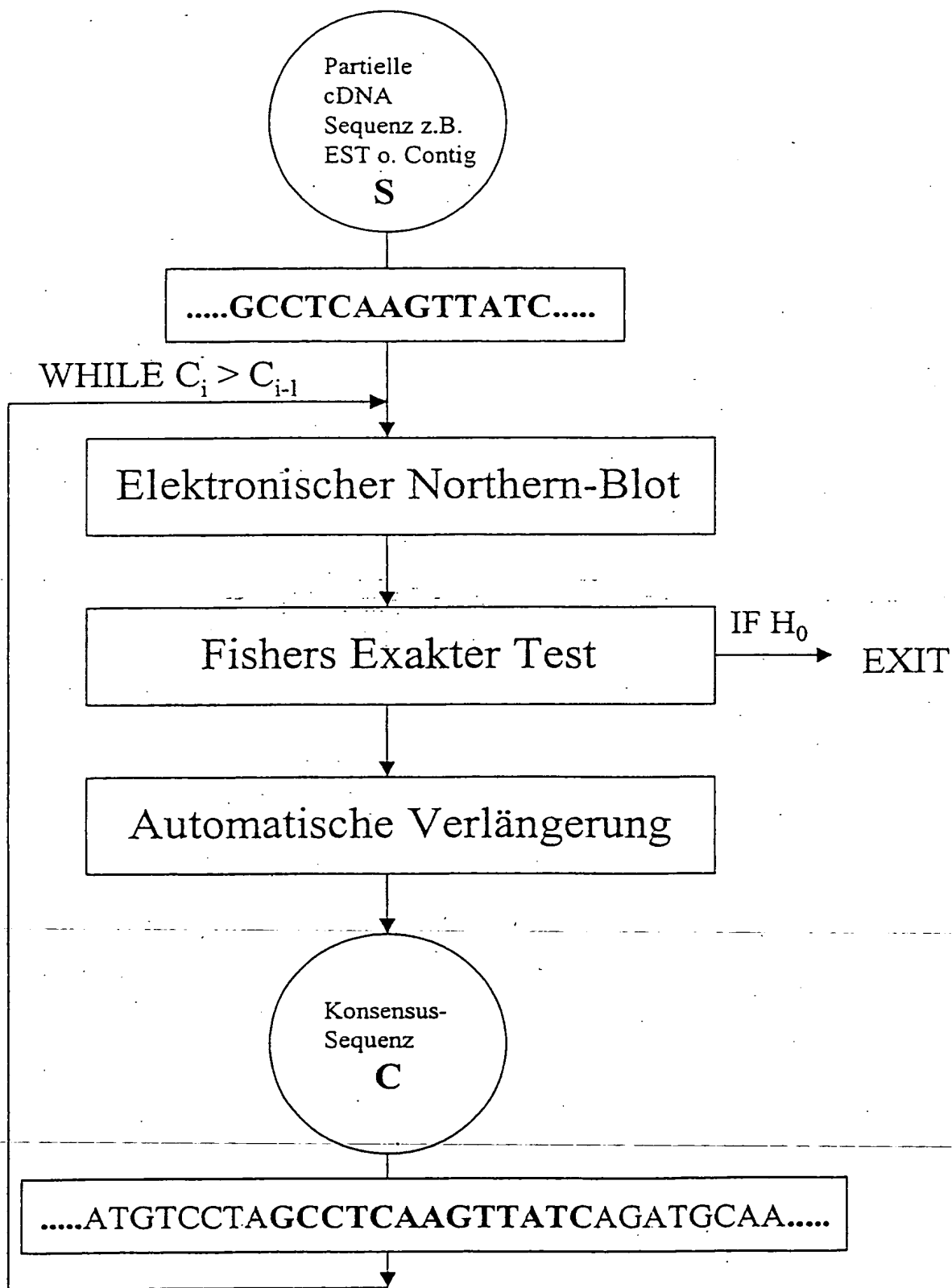


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



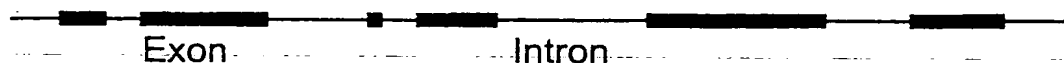
Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46374 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00721 (22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 11 193.2 10. März 1998 (10.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/00721

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., vol. 267, 5 December 1992 (1992-12-05), pages 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 figure 4	1,7, 10-12, 15-19, 23-25
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9 October 1997 (1997-10-09) page 4 -page 16 page 22, line 7 - line 25 page 30, line 23 -page 36 page 55, line 7 -page 58 page 65 -page 71 claims	1-33

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

Z document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

17 January 2000

Date of mailing of the international search report

17. 04. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

ANDRES S.M.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No
PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5 February 1998 (1998-02-05) page 4, line 8 -page 9, line 7 page 20 -page 41 page 61, line 16 -page 66, line 3 page 85, line 20 -page 117 claims ---	1-33
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127622 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zi42cl2.s1 Soares fetal liver spleen INFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19 December 1997 (1997-12-19), XP002127623 the whole document ---	1,5-9
X	"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19 June 1997 (1997-06-19), XP002127624 the whole document ---	1,5-9
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127625 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836 ---	1,5-9
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30 December 1997 (1997-12-30), XP002127626 the whole document ---	1,5-9
	-/--	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Journal Application No

PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1 December 1998 (1998-12-01) the whole document ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1 October 1998 (1998-10-01) page 62 page 92 -page 111 page 312 -page 313 claims ---	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21 October 1999 (1999-10-21) page 1 -page 8 page 316, line 29 - line 53 claims; figures -----	1-33

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00721

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: **34-36**
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
Claims 1-36 (all in part).

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

The International Search Authority has found that this international application contains several (groups of) inventions as follows:

1. Claims: 1-36 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 3, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment coded for by SEQ ID 3. Polypeptide sequences relating to SEQ ID 57 (table 2) and the uses thereof. Medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID 57.

2. to 53. Claims: 1-36 (all in part)

The same as in the case of invention 1 but relating to the nucleic acid sequences SEQ ID 4, 6, 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31, 33-34, 36, 39, 44-53, 142 and 144-164 and the corresponding polypeptide (partial) sequences SEQ ID 58-60, 64, 66-67, 70-71, 73-83, 86, 87, 89-90, 92, 94, 101-141, 143 and 165-199 and described in table 2.

54 to 58. Claims: 3, 5-19, 23-26, 29-33 (all in part)

Nucleic acid sequence relating respectively to SEQ ID 7, 13, 26, 37 or 40, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Corresponding polypeptide sequence(s) and described in table and the uses thereof. Medicament containing at least one of said sequences.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

See Supplemental Sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

International application No.

PCT/DE99/00721

2. Claims Nr.: 34-36

4. Claims 1-36 (all in part)

ADDITIONAL MATTER

PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2

Claims Nr.: 34-36

Patent claims 34-36 relate to an excessively large number of possible products, which is not supported by the description as defined by PCT Art. 6 and/or cannot be considered as disclosed in the patent application as defined by PCT Art. 5. In the present case, the patent claims lack the necessary support and the patent application lacks the necessary disclosure to such an extent that a meaningful search covering the entire range of protection sought for appears to be impossible. For this reason, no search on said products and the uses thereof was carried out.

The applicant's attention is drawn to the fact that patent claims, or parts of patent claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective whether or not the patent claims are amended following receipt of the International Search Report (PCT Art. 19) or whether or not the applicant files new patent claims during any PCT Chapter II procedure.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/00721

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9736535 A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B	09-12-1999
		AU 2601797 A	22-10-1997
		EP 0904405 A	31-03-1999
WO 9804689 A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A	27-10-1999
		US 5882864 A	16-03-1999
US 5843665 A	01-12-1998	US 5981232 A	09-11-1999
WO 9842738 A	01-10-1998	AU 6564698 A	12-10-1998
		EP 0970110 A	12-01-2000
		AU 6562798 A	20-10-1998
		AU 8768498 A	01-03-1999
		WO 9907891 A	18-02-1999
		AU 9679898 A	27-04-1999
		WO 9918208 A	15-04-1999
WO 9953040 A	21-10-1999	DE 19817557 A	21-10-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., Bd. 267, 5. Dezember 1992 (1992-12-05), Seiten 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 Abbildung 4	1,7, 10-12, 15-19, 23-25
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9. Oktober 1997 (1997-10-09) Seite 4 -Seite 16 Seite 22, Zeile 7 - Zeile 25 Seite 30, Zeile 23 -Seite 36 Seite 55, Zeile 7 -Seite 58 Seite 65 -Seite 71 Ansprüche	1-33

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen:

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E Älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benützung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

17. Januar 2000

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

17. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

ANDRES S.M.

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5. Februar 1998 (1998-02-05) Seite 4, Zeile 8 -Seite 9, Zeile 7 Seite 20 -Seite 41 Seite 61, Zeile 16 -Seite 66, Zeile 3 Seite 85, Zeile 20 -Seite 117 Ansprüche</p>	1-33
X	<p>ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127622 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836</p>	1,5-9
X	<p>HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19. Dezember 1997 (1997-12-19), XP002127623 das ganze Dokument</p>	1,5-9
X	<p>"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19. Juni 1997 (1997-06-19), XP002127624 das ganze Dokument</p>	1,5-9
X	<p>ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127625 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836</p>	1,5-9
X	<p>HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30. Dezember 1997 (1997-12-30), XP002127626 das ganze Dokument</p>	1,5-9

PCT/DE 99/00721

Kategorie:

Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile

Betr. Anspruch Nr. -

A | BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence
assembly program"
NUCLEIC ACIDS RESEARCH.,
Bd. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627
ISSN: 0305-1048
in der Anmeldung erwähnt

A SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by
electronic PCR"
GENOME RESEARCH.,
Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628
ISSN: 1088-9051
in der Anmeldung erwähnt

P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1. Dezember 1998 (1998-12-01) das ganze Dokument
-----	---

1-33

P,X WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN
GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M)
1. Oktober 1998 (1998-10-01)
Seite 62
Seite 92 -Seite 111
Seite 312 -Seite 313
Ansprüche

1-13,
15-25,
28,31-33

E WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT
THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN
BERND) 21. Oktober 1999 (1999-10-21)
Seite 1 -Seite 8
Seite 316, Zeile 29 - Zeile 53
Ansprüche; Abbildungen

1-33

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
 weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 34-36
 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
 siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
 weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
 Ansprüche 1-36 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 3 Sequenz kodiert wird. Polypeptidsequenzen sich beziehend auf SEQ ID 57 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID 57.

2. bis 53. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 4,6,10,12,15,17-24,27,29, 31,33-34,36,39,44-53,142 und 144-164, und den korrespondierenden Polypeptid(teil)-Sequenzen SEQ IDs 58-60, 64,66-67,70-71,73-83,86,87,89-90,92,94,101-141,143 und 165-199 sowie in Tabelle 2 beschrieben.

54. bis 58. Ansprüche: 3,5-19,23-26,29-33 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich respektiv beziehend auf SEQ IDs 7,13,26,37 oder 40, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Korrespondierende Polypeptidsequenz(en) sowie in Tabelle II beschrieben und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine dieser Sequenzen.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 34-36

Die geltende Patentansprüche 34 bis 36 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichung, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9736535 A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B	09-12-1999
		AU 2601797 A	22-10-1997
		EP 0904405 A	31-03-1999
WO 9804689 A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A	27-10-1999
		US 5882864 A	16-03-1999
US 5843665 A	01-12-1998	US 5981232 A	09-11-1999
WO 9842738 A	01-10-1998	AU 6564698 A	12-10-1998
		EP 0970110 A	12-01-2000
		AU 6562798 A	20-10-1998
		AU 8768498 A	01-03-1999
		WO 9907891 A	18-02-1999
		AU 9679898 A	27-04-1999
		WO 9918208 A	15-04-1999
WO 9953040 A	21-10-1999	DE 19817557 A	21-10-1999